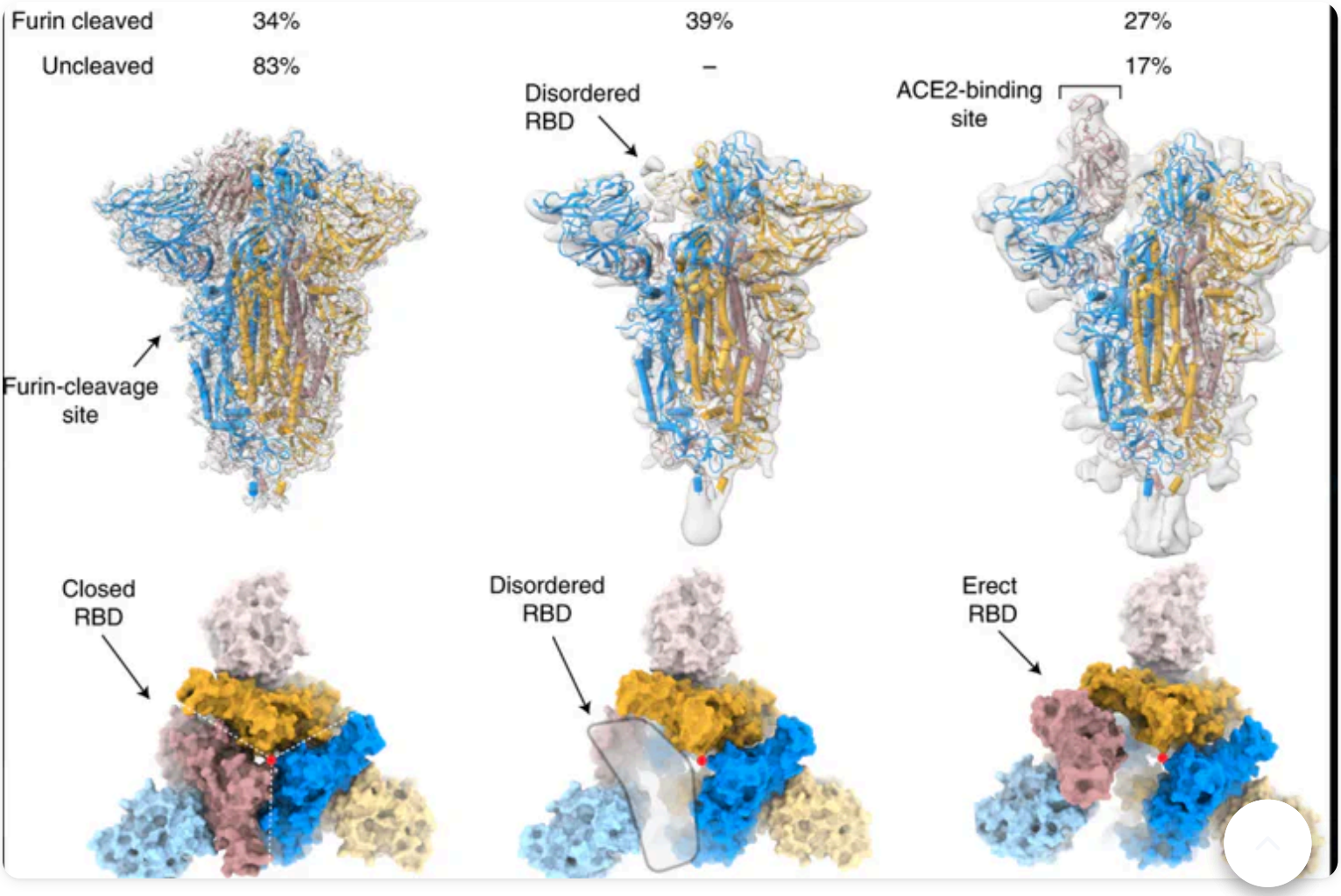
26 marzo 2026 31 minuti di lettura

Risoluzione fallita: perché gli esperimenti sull'mRNA devono essere interrotti

Le motivazioni scientifiche per la sospensione dei programmi di vaccinazione a mRNA: Pfizer ha modificato il processo di produzione a metà sperimentazione (Processo 1→2) introducendo DNA batterico con promotori SV40; laboratori indipendenti confermano una contaminazione fino a 627 volte superiore ai limiti; la proteina spike persiste per oltre 15 mesi; le ripetute dosi di richiamo inducono il passaggio di classe IgG4 e la tolleranza immunitaria; i documenti normativi interni esprimono allarme, mentre le rassicurazioni al pubblico continuano.

MeasslainteIRL Sommario



▶ Sommario

Il passaggio a un nuovo processo produttivo, la contaminazione del DNA, la persistenza delle proteine spike, la tolleranza immunitaria alle IgG4, i microtrombi amiloidi e le carenze normative convergono su un'unica conclusione: gli esperimenti con l'mRNA devono essere interrotti fino a quando non ne sarà dimostrata la sicurezza.

Dichiarazione di intenti

Questo articolo presenta un quadro scientifico per la valutazione della sicurezza dei vaccini a mRNA, basato su ricerche sottoposte a revisione paritaria, analisi di laboratorio indipendenti e documenti normativi. Non costituisce un consiglio medico.

Questo contenuto è fornito a solo scopo informativo ed educativo. Non costituisce un consiglio medico: consultare un medico prima dell'uso terapeutico.

In breve (1 minuto di lettura)

In breve

Sei diverse linee di evidenza convergono su un'unica conclusione: la tecnologia dei vaccini a mRNA ha attivato meccanismi dannosi che non sono stati adeguatamente studiati né affrontati dalle agenzie di regolamentazione.

Meccanismo	Prova	Risultato chiave
Effetti dell'immunità innata Spike	ALTO [PR]	Bocquet 2024: dirottamento di AXL/efferocitosi, persistenza batterica "cavallo di Troia"; cambio di classe IgG4, esaurimento immunitario
Commutazione di classe IgG4	ALTO [PR]	Irrgang 2023, Martín Pérez 2025: Le ripetute dosi di richiamo inducono tolleranza immunitaria, aumentano il rischio di infezioni da sfogo, compromettono l'ADCC e si verificano nei bambini dopo due dosi.

Meccanismo	Prova	Risultato chiave
Contaminazione del DNA con SV40	ALTO [PR] + [IND]	Speicher 2025: superamento dei limiti normativi fino a 627 volte.
Persistenza della proteina Spike	MODERATO-ALTO [PR]	Röltgen 2022, Patterson 2021, Rong 2024: oltre 15 mesi nei tessuti
Microcoaguli di fibrina amiloide	MODERATO [PR] + [INV]	Pretorius/Kell 2021-2025, McCairn 2025: Aggregati resistenti alla fibrinolisi
Divergenza nella produzione	ALTO [FOI]	Passaggio dal processo 1 al processo 2 senza confronti di sicurezza

Fallimento normativo: alcune e-mail di Health Canada mostrano che i regolatori, in privato, affermavano che l'SV40 "doveva essere evitato", pur minimizzando pubblicamente i rischi. Pfizer ha modificato i metodi di produzione a metà della sperimentazione e ha eliminato i confronti di sicurezza previsti. Non esistono studi di integrazione a lungo termine.

La risposta scientifica non è "dimostrare prima il danno", bensì "fermare fino a quando non sarà dimostrata la sicurezza".

Sintesi

Il vaccino che avrebbe dovuto salvare miliardi di vite non era lo stesso utilizzato sulla popolazione. Il vaccino testato nelle sperimentazioni (Processo 1) è stato sostituito con un diverso processo di produzione (Processo 2) che contiene DNA batterico contaminante da promotori virali attivi, come dimostrano documenti interni degli enti regolatori che hanno allarmato gli scienziati, mentre le rassicurazioni pubbliche lo hanno minimizzato.

Perché è importante: questo DNA non è inerte. Il pattern di metilazione m^6A conferma che proviene da E. coli. Il promotore di SV40 non è metilato ed è biologicamente attivo. Insieme, possono innescare un'attivazione immunitaria cronica, interferire con la produzione di anticorpi attraverso l'interruzione dell'ipermutazione somatica e comportare rischi di integrazione che non sono stati studiati a sufficienza.

Le prove: più di 9 laboratori indipendenti in quattro continenti hanno confermato livelli di contaminazione fino a 627 volte superiori ai limiti normativi, con contaminazione documentata in lotti approvati fino al 2026. La varianza tra i lotti (815 volte) rivela un

fallimento sistemico nel controllo della produzione, tuttora in corso e non risalente al passato.

Ciò che non sappiamo: le conseguenze cliniche a lungo termine dell'esposizione cronica al DNA tramite nanoparticelle lipidiche. I dati a livello di popolazione non saranno disponibili prima di 5-10 anni se l'endpoint primario saranno i tumori solidi.

La matrice di interazione sconosciuta

I singoli rischi sono documentati. Ma cosa succede quando questi fattori interagiscono simultaneamente? Kevin McKernan, che ha guidato il lavoro di sequenziamento forense che ha rivelato la contaminazione del DNA, ha avvertito che potremmo non cogliere gli effetti sinergici cruciali:

🧬 **Updated innate sensing table (with Dam/Dcm effects)**

#	Molecular species	Primary sensors	Cellular compartment	Downstream pathways	Functional outcome
1	**Residual DNA (plasmid, Dam/Dcm methylated)**	cGAS-STING pathway (**↑ with Dam m6A**), TLR9 (often ↓/altered), AIM2 inflammasome	Cytosol (cGAS, AIM2), Endosome (TLR9)	IRF3 → IFN-β; NF-κB; Caspase-1	**Enhanced DNA-driven IFN signaling** (vs PCR DNA), reduced/shifted TLR9 contribution
2	**RNA:DNA hybrids**	cGAS-STING pathway (**↓ vs dsDNA, but can be partially rescued if DNA strand is Dam-methylated**), weak RIG-I	Cytosol (primarily)	Weak IRF3 activation	**Intermediate signaling**; hybrid structure dampens, Dam methylation may partially restore
3	**N1-methylpseudouridine (m¹Ψ) mRNA**	Reduced TLR7 / TLR8, reduced RIG-I / MDA5	Endosome (TLR7/8), Cytosol (RIG-I/MDA5)	Suppressed IRF7 / IRF3	**RNA sensing dampened → shifts immune detection toward DNA contaminants**
4	**Dam/Dcm-methylated DNA (standalone)**	cGAS-STING pathway (**↑ activation with m6A**), TLR9 (↓ or altered CpG recognition), possible AIM2 inflammasome	Cytosol (cGAS), Endosome (TLR9)	Strong IRF3 → IFN-β; NF-κB	**More immunostimulatory than PCR DNA**; biased toward cytosolic sensing
5	**m¹Ψ-RNA : Dam/Dcm-methylated DNA hybrid**	cGAS-STING pathway (**competing: hybrid ↓, m6A ↑ → net low–moderate or restored**), minimal TLR7 / RIG-I, reduced TLR9	Cytosol-dominant	Submaximal IRF3 activation	**Non-canonical profile: suppressed RNA sensing + partially restored DNA sensing → cGAS-biased signaling**

Figura: L'avvertimento di Kevin McKernan sugli effetti sinergici sconosciuti. La matrice di interazione include: (1) DNA che innesca cGAS-STING, (2) risposta di silenziamento della pseudouridina N1-metilata, (3) DNA metilato DAM/DCM che iperstimola cGAS-STING e (4) ibridi RNA:DNA che colpiscono altre vie. La lacuna critica: "Non abbiamo idea di cosa facciano tutti e 4 in combinazione. Lo stiamo imparando su alcuni miliardi di persone in tempo reale." Fonte: Dr. Robert Malone, IgG4 Class Switching, Immune Tolerance, and Adverse Event Risk (https://www.malone.news/p/igg4-class-switching-immune-tolerance)

Questa è la lacuna di conoscenza cruciale: la combinazione di mRNA modificato con N1-metilpseudouridina e DNA batterico metilato con m^6A può creare effetti immunitari che nessun componente produrrebbe da solo. La popolazione è l'esperimento.

Contesto meccanicistico: Rauf et al. (2026, Clinical Immunology) dimostrano che il Long COVID comporta un fallimento della risoluzione dell'immunità innata attraverso

un'alterazione dell'efferocitosi e il dirottamento del recettore AXL/TAM da parte della proteina spike persistente. Se questo meccanismo è corretto, i vaccini a mRNA che producono la proteina spike persistente potrebbero esacerbare anziché prevenire il problema.

Tra le sperimentazioni cliniche e la diffusione globale, tre aspetti sono cambiati senza un'adeguata valutazione della sicurezza:

Passaggio al processo di produzione: vaccino sperimentale (Processo 1) a vaccino distribuito (Processo 2) **Emergenza di contaminazione da DNA:** produzione di plasmidi di E. coli con promotori SV40 **Progressi nella comprensione dei meccanismi:** fallimento di AXL/efferocitosi, microcoaguli amiloidi, persistenza della proteina spike

Gli enti regolatori hanno riconosciuto internamente le preoccupazioni, pur respingendole pubblicamente. L'onere della prova si è spostato.

Bocquet-Garçon (2024) & Rauf et al. (2026): Quadro meccanicistico

Bocquet-Garçon (2024) *Cureus, marzo 2024 "Impatto della proteina Spike del SARS-CoV-2 sul sistema immunitario innato: una revisione"* **Autore:** Annelise Bocquet-Garçon PMID: 38549864 (https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/38549864/) , DOI: 10.7759/cureus.57008 (https://doi.org/10.7759/cureus.57008)

Effetti di Spike: attiva molteplici PRR (TLR2, TLR4, TLR7/8), innesca l'attivazione dell'inflammasoma (NLRP3), induce NETosi, promuove le vie di tolleranza RAGE/IL-10 (switch di classe IgG4, esaurimento immunitario).

Si applica "sia all'infezione che alla vaccinazione: COVID lungo/PACS derivante da infezione o vaccinazione".

Rauf et al. (2026) *Immunologia clinica, Volume 285 "Sequelae post-acute di COVID-19: un disturbo della risoluzione immunitaria innata compromessa - Una revisione narrativa"* DOI: 10.1016/j.clim.2026.03.002 (https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1521661626000392) **Autori:** Mahd Rauf, Ahsan Naveed, Muhammad Umer Asghar

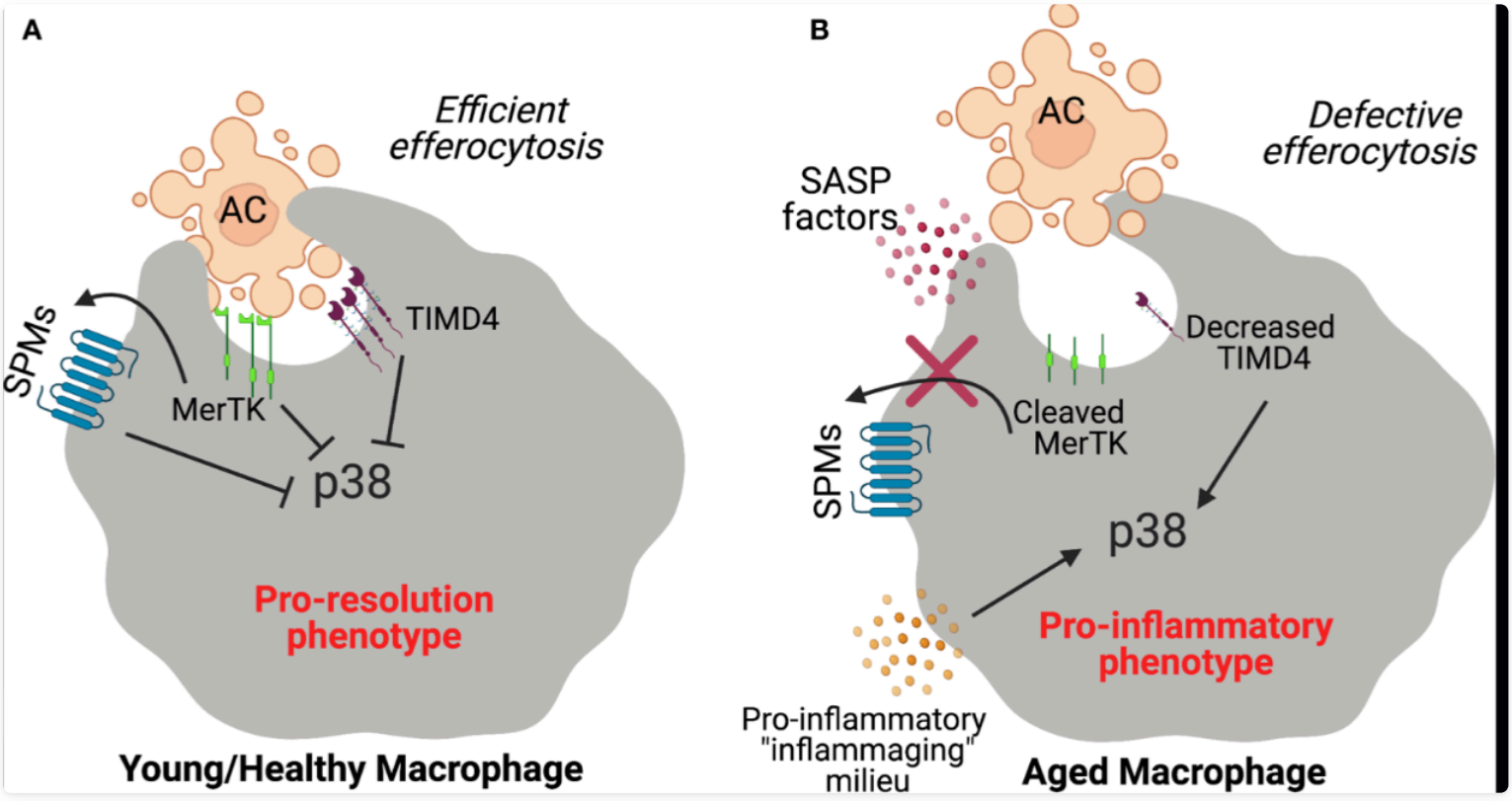
Percorsi di risoluzione falliti, in particolare efferocitosi compromessa (eliminazione silenziosa delle cellule apoptotiche) tramite gli effetti del recettore AXL/TAM della

proteina spike persistente.

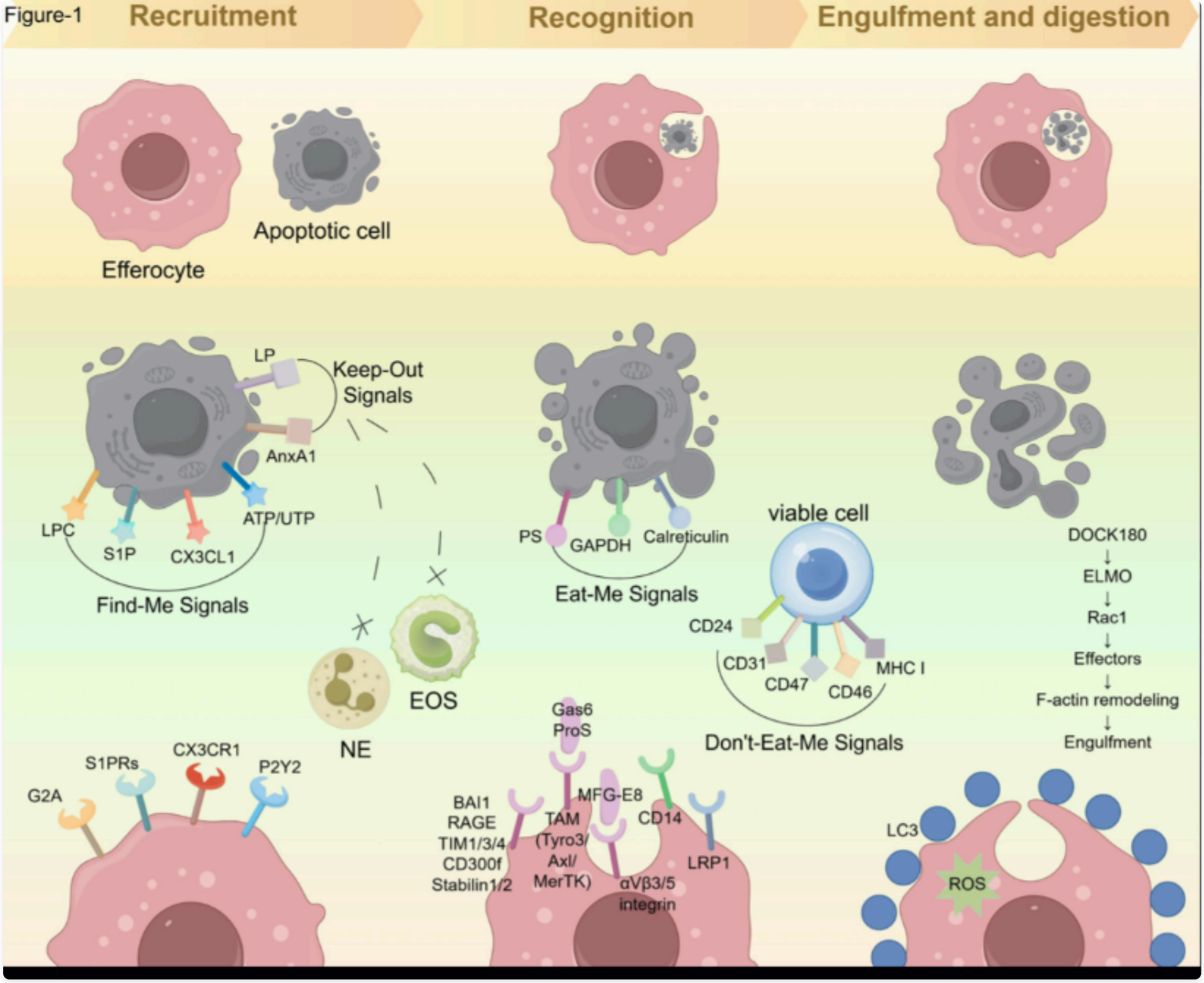
Annelise Bocquet ha approfondito l'argomento in una serie di tweet del 2026:

> *"L'efferocitosi è strettamente correlata al recettore AXL... La proteina Spike sfrutta AXL come recettore d'ingresso alternativo... consentendo la persistenza intracellulare di batteri/virus come un 'cavallo di Troia', aumentando il rischio di coinfezione."*

Il meccanismo: Efferocitosi normale: i macrofagi inglobano silenziosamente le cellule morte/morenti, producono IL-10/TGF-β e l'infiammazione si risolve. Dirottamento patologico: la proteina Spike si lega al recettore AXL, i macrofagi inglobano le cellule apoptotiche infette e producono IL-6/IL-1β, amplificando l'infiammazione. Circolo vizioso: le citochine pro-infiammatorie riducono ulteriormente l'espressione dei recettori efferocitari, con conseguente accumulo di detriti e aumento dell'infiammazione.



Fonte: Decker et al., Frontiers in Immunology 12, 660865 (2021) (https://doi.org/10.3389/fimmu.2021.660865) - I ligandi pro-risolutivi orchestrano la fagocitosi, dimostrando meccanismi di efferocitosi falliti e segnalazione del recettore TAM nell'invecchiamento



Fonte: Li et al., Molecular Cancer 24, 268 (2025) (https://doi.org/10.1186/s12943-025-02484-7) - Efferocitosi: l'arte della rimozione cellulare e nuove prospettive nella terapia delle malattie, Figura 1

I vaccini a mRNA forniscono l'esatto meccanismo molecolare responsabile di questo fallimento nella risoluzione dell'infezione, con durata di produzione, distribuzione tissutale e dosaggio sconosciuti.

Commutazione di classe IgG4: tolleranza immunitaria derivante da ripetuti richiami.

La vaccinazione ripetuta con dosi di richiamo di mRNA induce un progressivo passaggio alla classe di anticorpi IgG4, che comporta rischi documentati di eventi avversi. Ciò rappresenta un cambiamento qualitativo dalla funzione effettore pro-infiammatoria verso la tolleranza immunitaria, un meccanismo che si collega

direttamente ai percorsi di tolleranza dell'IL-10 descritti da Bocquet-Garçon in precedenza.

Che cos'è l'IgG4?

L'IgG4 è una sottoclasse di anticorpi "tollerogenici" che:

- Attiva debolmente i recettori Fcγ (prevenendo l'amplificazione dell'infiammazione).
- Impossibile attivare la via classica del complemento
- Inibisce attivamente la citotossicità cellulare anticorpo-dipendente (ADCC)
- Funziona come un "anticorpo bloccante" che sopprime la clearance immunitaria

Differenza fondamentale: l'infezione naturale da SARS-CoV-2 induce prevalentemente anticorpi IgG1 e IgG3 (infiammatori, antivirali). Anche la vaccinazione primaria con mRNA induce forti risposte IgG1/IgG3. Tuttavia, con i richiami successivi, si osserva un marcato passaggio di classe verso le IgG4.

Documentato in ricerche sottoposte a revisione paritaria:

- **Irrgang et al. 2023 (Sci Immunol)** Dominanza progressiva di IgG4 dopo dosi seriali di mRNA; le cellule B della memoria con switch di classe IgG4 costituiscono in media il 14,4% di tutte le cellule B della memoria leganti la proteina spike negli operatori sanitari sottoposti a tripla dose di richiamo.
- **Martín Pérez et al. 2025 (J Infect)** Il passaggio di classe IgG4/IgG2 è associato a **un aumento del rischio di infezione da breakthrough** nella coorte di operatori sanitari (primo esito avverso formalmente segnalato)
- **Kalkeri et al. 2025 (J Infect)** I livelli di IgG4 anti-spike **sono correlati negativamente con i titoli neutralizzanti** ($r = -0,39$) e contemporaneamente con tutte le funzioni effettrici Fc (ADCP, ADCC, ADCD).
- **Ravichandran et al. 2024 (Immun Ageing)** Cambio di classe IgG4 e **ridotta attivazione delle cellule NK** negli anziani dopo ripetute vaccinazioni con mRNA
- **Kobbe et al. 2024 (Pediatr Infect Dis J)** Rilevato passaggio a IgG4 in **bambini di età compresa tra 5 e 11 anni dopo solo due dosi pediatriche**

Il meccanismo: la segnalazione dell'IL-10 all'interno dei centri germinativi innesca il cambio di classe anticorpale. Non si tratta di immunosoppressione sistemica, bensì di "tollerizzazione del centro germinativo", un evento immunoregolatorio locale e mirato

che rimodella permanentemente il repertorio anticorpale. Una volta generate le cellule B della memoria che esprimono IgG4 e le plasmacellule a lunga vita, queste persistono nel midollo osseo per anni e continuano a produrre IgG4 ad ogni successivo incontro con l'antigene.

Conseguenze negative:

1. **Perdita di ADCC, attivazione del complemento e clearance virale mediata da Fc.** Gli anticorpi IgG4 neutralizzano il virus ma non riescono a reclutare effettori immunitari per eliminare le cellule infette.
2. **Aumento del rischio di infezioni da rottura.** Primo esito avverso formalmente segnalato associato al passaggio alle IgG4 (Martín Pérez 2025).
3. **Memoria duratura delle cellule B che codifica la compromissione funzionale.** La compromissione immunologica viene scritta nella memoria delle cellule B e persiste indipendentemente da ulteriori vaccinazioni.
4. **Rischio pediatrico:** il cambio di classe di resistenza si verifica nei bambini dopo sole due dosi, nonostante il rischio individuale trascurabile di COVID-19 grave.

Perché è importante: la sierologia standard con IgG anti-spike non è in grado di rilevare questo cambiamento. Un paziente con alti livelli di IgG anti-spike dopo diverse dosi di richiamo potrebbe presentare una risposta in cui una frazione sostanziale di IgG4 è funzionalmente insufficiente per l'eliminazione virale. Il danno si aggrava con ogni dose di richiamo e non si inverte con l'interruzione della vaccinazione.

Profili di rischio specifici per popolazione:

- **Popolazioni ad alto rischio** (anziani, immunocompromessi): le proprietà tollerogeniche dell'IgG4 possono ridurre le conseguenze infiammatorie dannose (tempesta di citochine, ARDS, tromboinfiammazione); il calcolo degli eventi avversi può favorire la continuazione del richiamo con disciplina degli intervalli.
- **Popolazioni a basso rischio** (bambini e giovani adulti sani): l'erosione progressiva della funzione effettore Fc senza una corrispondente riduzione del rischio di malattia grave, il calcolo degli eventi avversi è decisamente sfavorevole

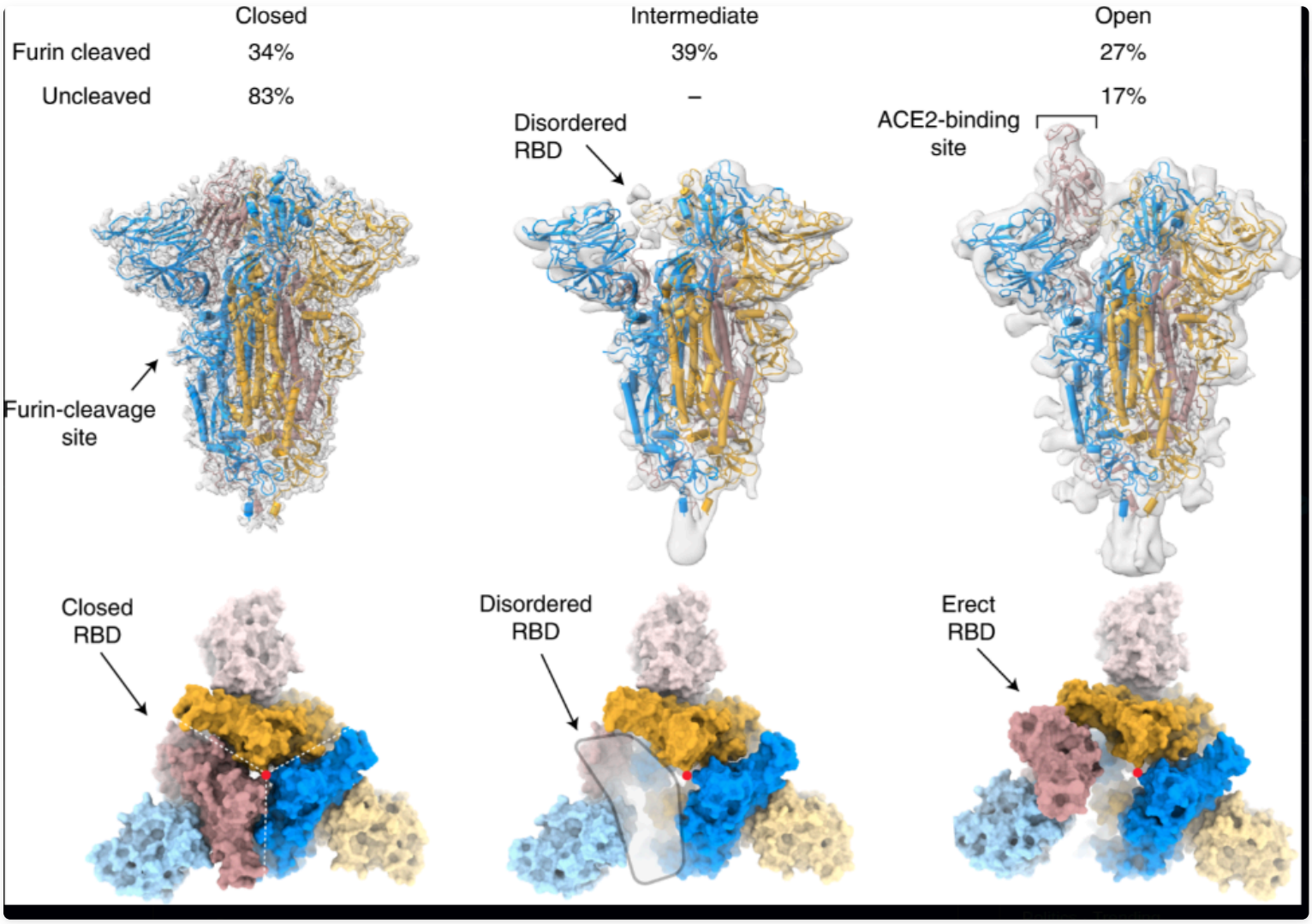
Collegamento con il fallimento dell'efferocitosi: la segnalazione dell'IL-10 che guida il passaggio di classe delle IgG4 è la stessa via implicata nella mancata risoluzione e nel deterioramento dell'AXL/efferocitosi. Entrambi rappresentano uno spostamento dalla

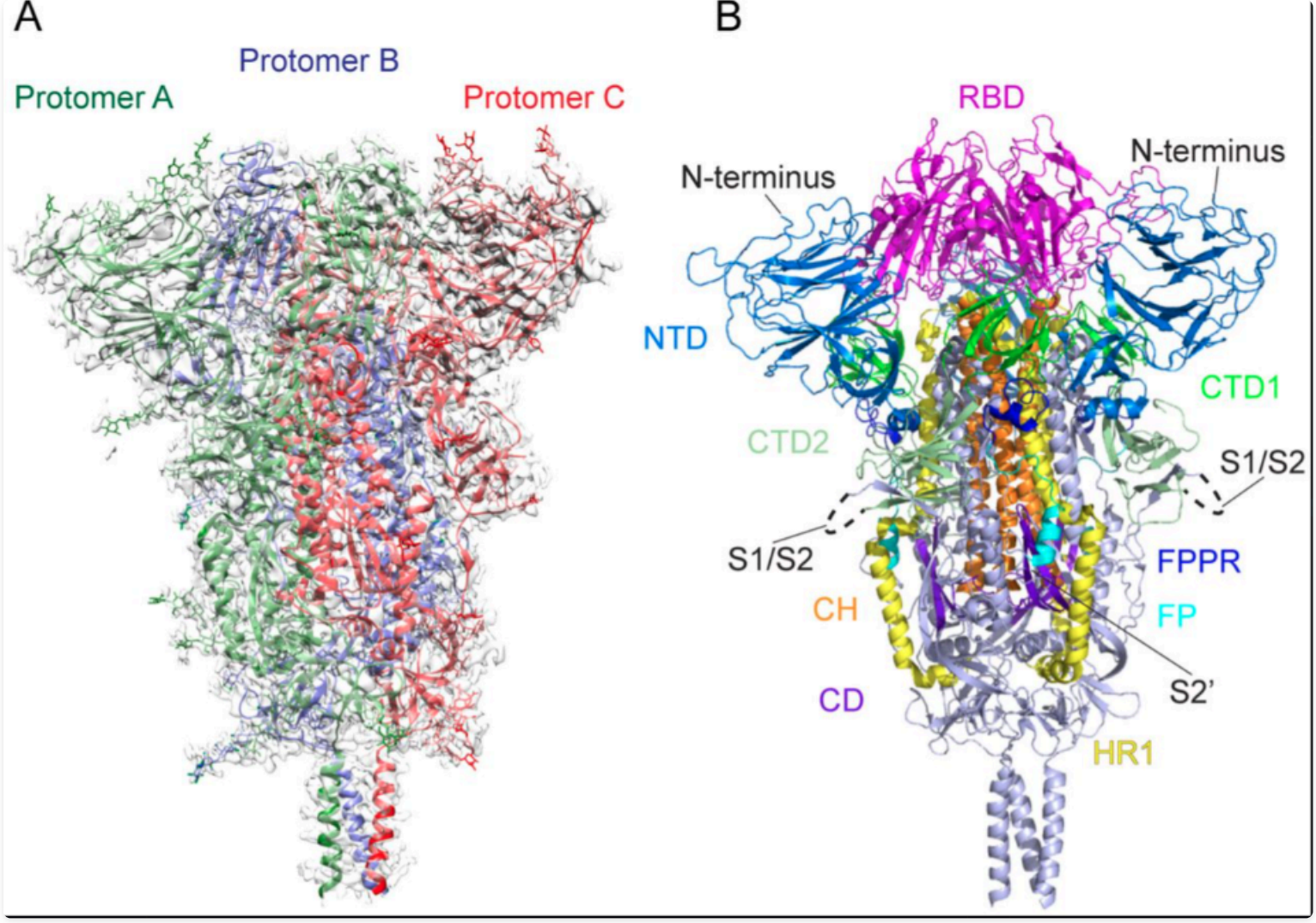
clearance virale attiva verso la tolleranza, esattamente nella direzione sbagliata per prevenire l'infezione persistente e la formazione di serbatoi virali.

Fonte: Analisi basata su "IgG4 Class Switching, Immune Tolerance, and Adverse Event Risk from Repeated mRNA Booster Vaccination" del Dr. Philip Krause (https://www.malone.news/p/igg4-class-switching-immune-tolerance) su Malone.News. Originariamente preparata per l'ACIP Covid Working Group e presentata al CDC MMWR.

Struttura della proteina Spike: progettata per la patogenicità.

La proteina spike del SARS-CoV-2 contiene caratteristiche uniche non riscontrabili nei coronavirus naturali, a dimostrazione di un potenziamento in laboratorio che crea i meccanismi patologici documentati in questo articolo.





Ulteriori riferimenti strutturali:

- **Cai et al., bioRxiv 2020.05.16.099317 (2020) (https://doi.org/10.1101/2020.05.16.099317)** Stati conformazionali distinti della proteina spike di SARS-CoV-2. Riporta le strutture crioelettroniche prefusione (3,1Å) e postfusione (3,3Å) della proteina spike a lunghezza intera, mostrando transizioni strutturali spontanee e schermatura dei glicani. Dimostra che la proteina spike wild-type a lunghezza intera adotta conformazioni più compatte rispetto ai costrutti dell'ectodominio stabilizzato, con implicazioni per la progettazione dell'antigene vaccinale.
- **Wrobel et al., Nature Structural & Molecular Biology 27, 763–767 (2020) (https://doi.org/10.1038/s41594-020-0468-7)** Le strutture della glicoproteina spike di SARS-CoV-2 e del pipistrello RaTG13 forniscono informazioni sull'evoluzione del virus e sugli effetti della scissione della furina. Le strutture Cryo-EM rivelano un legame circa 1.000 volte più forte della proteina spike di SARS-CoV-2 al recettore ACE2 umano rispetto al virus del pipistrello e mostrano che la scissione della furina al confine S1/S2 facilita la conformazione aperta necessaria per il legame al recettore.**

Caratteristiche ingegneristiche chiave

Sito di clivaggio della furina (inserzione PRRA) Un sito di clivaggio multibasico assente nei coronavirus naturali simili alla SARS, ma presente nell'HIV, nell'Ebola e nell'influenza aviaria altamente patogena. Questo sito consente:

- Pre-attivazione durante l'uscita virale dalle cellule ospiti
- Aumento dell'ingresso cellulare tramite furina e altre proteasi
- Ampio tropismo tissutale (infetta più sistemi di organi)
- Scissione in subunità S1 (amiloide/neurotossica) + S2 (fusogena).

Il dominio di legame al recettore (RBD) si lega al recettore ACE2 sulle cellule endoteliali, spiegando:

- Danni vascolari e disfunzione endoteliale
- Coinvolgimento multiorgano (cuore, cervello, reni)
- Distribuzione sistemica al di là delle vie respiratorie.

La subunità S1 contiene NTD e RBD; quando viene scissa:

- Induce la formazione di amiloide
- Interazione diretta con il fibrinogeno → microcoaguli resistenti
- Effetti neuroinfiammatori

La subunità S2 contiene un peptide di fusione e ripetizioni di eptapeptidi; quando attivata:

- Media la fusione delle membrane (attività fusogenica)
- Diffusione da cellula a cellula
- Formazione di sincizi

Il dominio N-terminale (NTD) rappresenta un sito di legame principale per gli anticorpi, soggetto a elusione immunitaria.

Collegamento alla patologia documentata

Microcoaguli amiloidi: il sito di clivaggio della furina consente un'efficiente separazione S1/S2, liberando S1 che può interagire con il fibrinogeno e indurre lo stato amiloide documentato da Pretorius/Kell e McCairn. Senza questo sito di clivaggio

ingegnerizzato, la formazione di amiloide di fibrina indotta dalla proteina spike sarebbe molto meno efficiente.

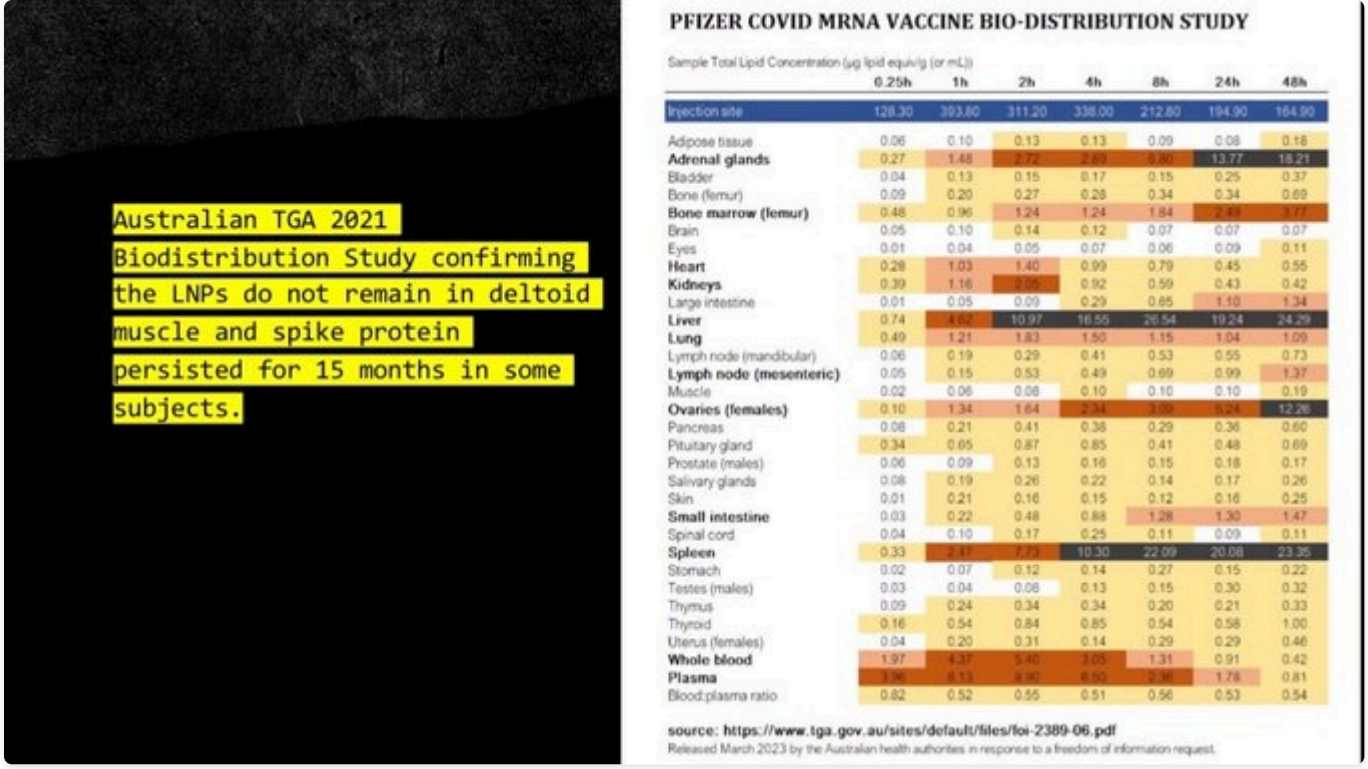
Prove di guadagno di funzione: l'inserimento di PRRA al confine S1/S2 è una delle quattro modifiche documentate nella ricerca sul guadagno di funzione. A differenza dei coronavirus naturali che richiedono TMPRSS2 sulla superficie cellulare, SARS-CoV-2 può essere pre-attivato da proteasi ubiquitarie simili alla furina, aumentando drasticamente l'infettività.

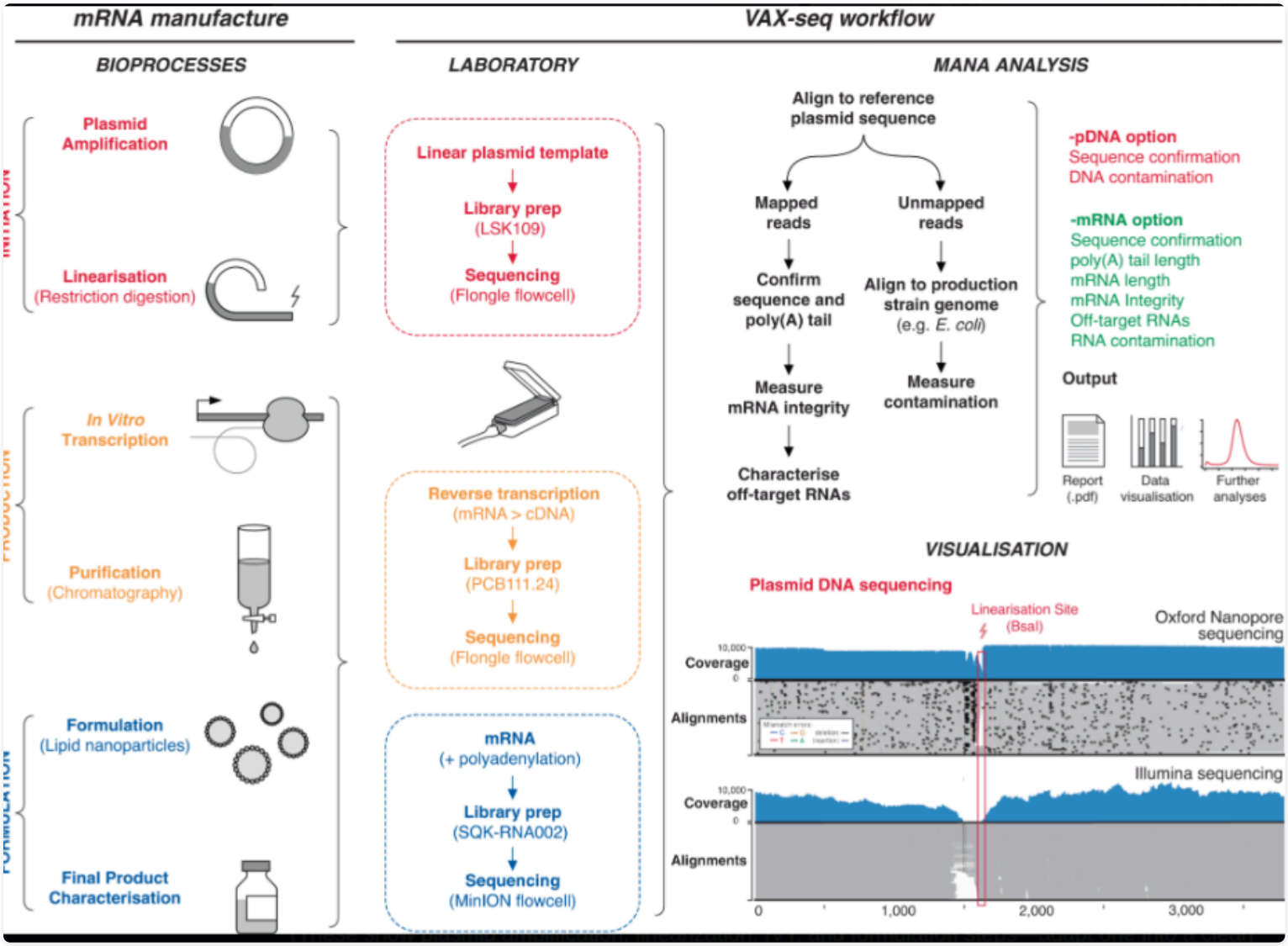
Implicazioni dei vaccini a mRNA: i vaccini a mRNA veicolano il codice genetico per questa proteina spike ingegnerizzata, con lo stesso sito di clivaggio della furina, portando alla produzione delle stesse subunità S1 e S2 nei soggetti vaccinati. Gli stessi meccanismi che consentono la patogenicità virale nell'infezione naturale sono presenti nella proteina spike derivata dal vaccino.

Evidenza strutturale di ingegneria genetica: la presenza di un sito di clivaggio della furina con l'inserzione di PRRA non è una caratteristica dell'evoluzione naturale del SARS-CoV-2. È un noto marcatore di adattamento in laboratorio, poiché i siti di clivaggio della furina vengono tipicamente acquisiti tramite passaggi seriali in coltura cellulare, una tecnica standard di guadagno di funzione per aumentare la patogenicità virale.

Nanoparticelle lipidiche (LNP): il sistema di rilascio

Le nanoparticelle lipidiche non sono vettori passivi. Sono sofisticati veicoli di rilascio progettati per proteggere l'mRNA, facilitare l'assorbimento cellulare e consentire la fuoriuscita dagli endosomi, ma permettono anche la distribuzione sistemica agli organi e comportano un proprio profilo di tossicità.





Composizione degli LNP

Lipidi cationici ionizzabili. Il componente principale per il rilascio:

- Carica positiva a basso pH (consente la complessazione dell'mRNA)

- Neutro al pH fisiologico (riduce la tossicità sistemica)
- Media la fuoriuscita dagli endosomi tramite l'effetto "spugna protonica".
- Esempi: SM-102 (Moderna), ALC-0315 (Pfizer)

Modifica superficiale **con PEG-lipidi (glicole polietilenico) :**

- Forma uno strato idrofilo protettivo attorno alla particella.
- Aumenta l'emivita di circolazione
- Previene la rapida eliminazione da parte del sistema immunitario
- Associato a reazioni di ipersensibilità (anticorpi anti-PEG)

Lipidi ausiliari Supporto strutturale:

- Colesterolo: stabilizza la membrana del doppio strato lipidico
- DSPC o DOPE: mantiene la struttura delle particelle
- Migliora l'assorbimento cellulare e la fusione della membrana.

Il carico utile di mRNA è incapsulato al centro:

- Protetti dalla degradazione da parte delle RNasi
- Rilasciato dopo l'assorbimento cellulare e la fuoriuscita dagli endosomi

Meccanismo di consegna

1. **Incapsulamento:** l'mRNA viene complessato con lipidi ionizzabili in tampone acido, formando particelle di circa 80-100 nm di diametro.
2. **Distribuzione sistemica:** dopo l'iniezione intramuscolare, le nanoparticelle lipidiche (LNP) entrano nei vasi linfatici e sanguigni, distribuendosi in tutto il corpo.
3. **Assorbimento cellulare:** le nanoparticelle lipidiche si fondono con le cellule o vengono endocitate da esse, un processo facilitato dalla loro composizione lipidica simile a quella delle membrane cellulari.
4. **Fuga endosomiale:** nell'endosoma acido, i lipidi ionizzabili si caricano positivamente, rompendo la membrana endosomiale e rilasciando l'mRNA nel citoplasma.
5. **Produzione di proteine:** i ribosomi cellulari traducono l'mRNA, producendo la proteina spike per una durata sconosciuta.

Preoccupazioni relative alla distribuzione sistemica

Le nanoparticelle lipidiche non rimangono nel sito di iniezione. La distribuzione documentata comprende:

- **Milza e fegato** Organi di eliminazione primaria, elevato accumulo di LNP
- **Ghiandole surrenali** Potenziale di interferenza endocrina
- Effetti delle cellule ematopoietiche **sul midollo osseo**
- **Ovaie e testicoli** Esposizione all'apparato riproduttivo
- **Il cervello** attraversa la barriera emato-encefalica attraverso vari meccanismi
- **Placenta** Potenziale esposizione fetale durante la gravidanza

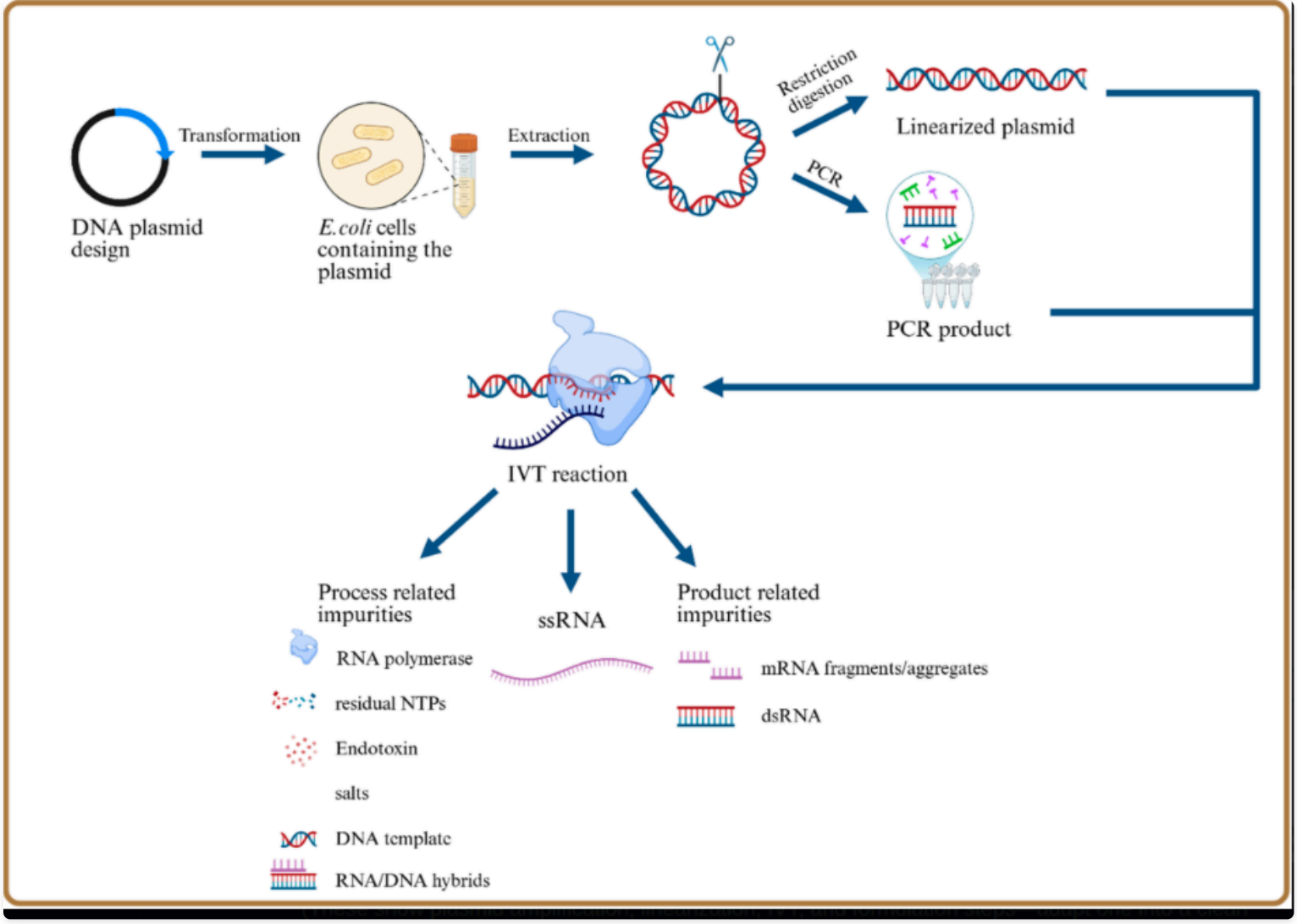
Proprietà infiammatorie

Le nanoparticelle lipidiche (LNP) sono biologicamente attive, non inerti:

- **L'attivazione dell'immunità innata da parte** delle nanoparticelle lipidiche (LNP) innesca citochine infiammatorie indipendentemente dal carico di mRNA.
- **Attivazione del complemento** I lipidi PEGilati possono attivare la cascata del complemento
- **Anticorpi anti-PEG** L'esposizione ripetuta induce la produzione di IgM/IgG anti-PEG, causando una clearance accelerata e ipersensibilità.
- **Nessun controllo della dose.** Una volta iniettati, la biodistribuzione e l'eliminazione degli LNP non possono essere controllate.

Collegamento con la persistenza della proteina spike: le nanoparticelle lipidiche proteggono l'mRNA dalla degradazione e ne facilitano l'assorbimento cellulare, ma consentono anche la produzione della proteina spike in tessuti ben oltre il sito di iniezione. Questo spiega come la proteina spike sia stata rilevata nel cervello, nelle meningi, nel midollo osseo e in altri organi mesi dopo la vaccinazione.

Processo 1 contro processo 2: l'inganno della produzione



Aspetto	Processo 1 (Prova)	Processo 2 (Implementato)
Metodo di produzione	Digestione enzimatica (basata sulla PCR)	Modello di DNA plasmidico di E. coli
Scala	Lotti clinici limitati	Produzione di massa
contaminazione del DNA	Minimo	0,22-510+ ng/dose (fino a 627 volte oltre il limite)
Sequenze SV40	Assente	Presente (0,25-23,72 ng/dose in Pfizer)
Sicurezza	coorte pianificata	**Rimosso tramite l'emendamento 20 al protocollo.**

Processo 1: Digestione enzimatica (metodo di sperimentazione clinica)

Modello di DNA: DNA lineare prodotto tramite PCR o metodi enzimatici

Passaggi:

1. Preparazione del modello di DNA tramite amplificazione enzimatica
2. Trascrizione in vitro (IVT) per produrre mRNA
3. Trattamento con DNasi per rimuovere il DNA stampo
4. formulazione LNP
5. Riempire e confezionare in fiale

Caratteristiche:

- contaminazione residua minima del DNA
- Nessuna sequenza plasmidica batterica
- Scalabilità limitata
- Costo di produzione più elevato per dose
- Ambiente di produzione più controllato

Processo 2: DNA plasmidico di E. coli (metodo di produzione su larga scala)

Modello di DNA: DNA plasmidico circolare amplificato in batteri E. coli

Passaggi:

1. Amplificazione del plasmide in coltura di E. coli
2. Purificazione del plasmide dal lisato batterico
3. Linearizzazione (apertura dell'anello) del plasmide circolare
4. Trascrizione in vitro (IVT) per produrre mRNA
5. Trattamento con DNasi (spesso incompleto per gli ibridi RNA:DNA)
6. formulazione LNP
7. Riempire e confezionare in fiale

Caratteristiche:

- Contaminazione residua di DNA di alto livello
- Modelli di metilazione batterica (m^6A dalla metilasi "Dam" di E. coli)

- Sequenze promotrici SV40 presenti
- Scalabile per la produzione di massa
- Minori costi di produzione per dose
- Variabilità da lotto a lotto (variazione del contenuto di DNA pari a 815 volte)

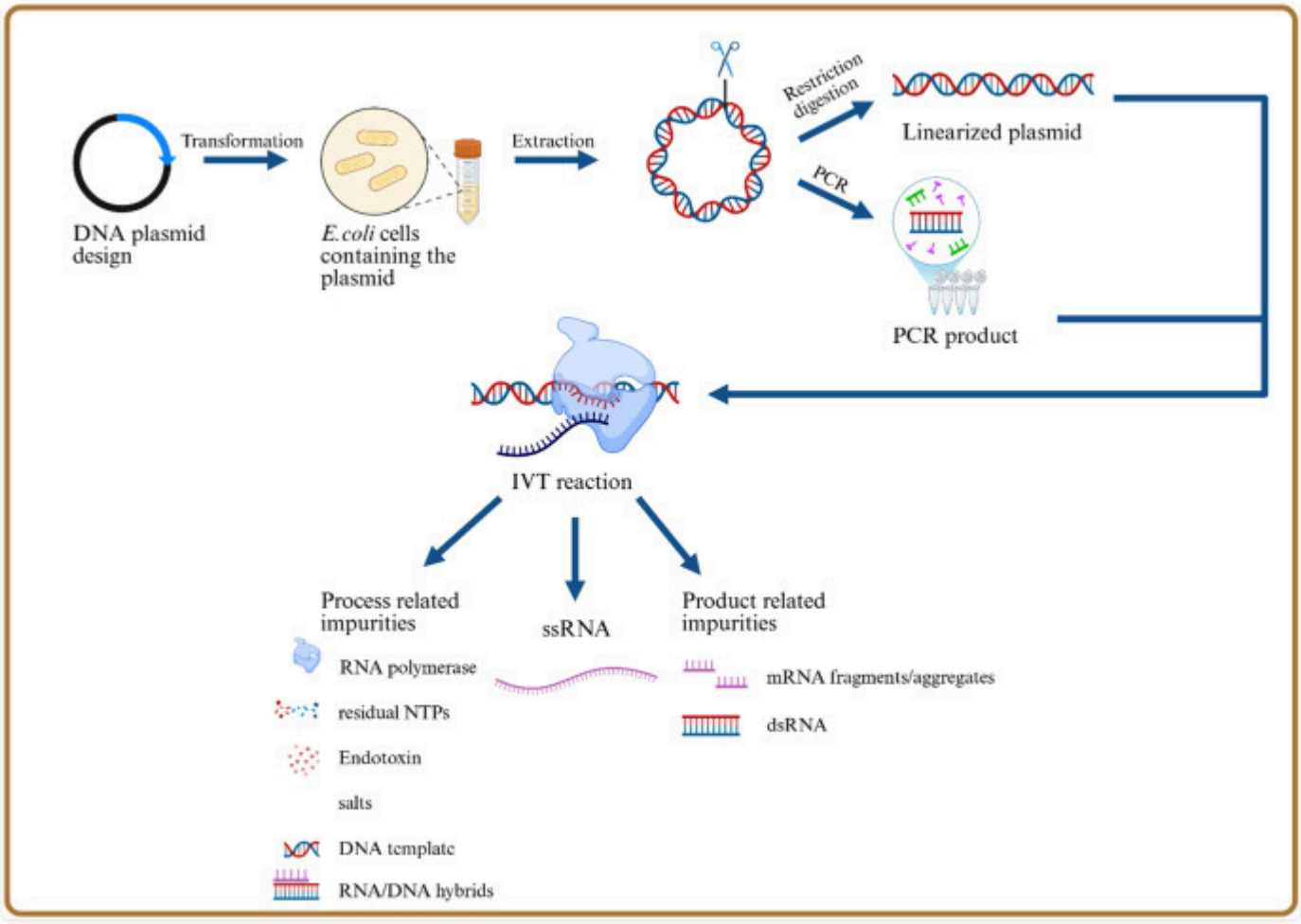


Figura 3: Schema dettagliato del processo di produzione di vaccini a mRNA che mostra il flusso di lavoro completo, dalla progettazione del DNA plasmidico alla trascrizione in vitro (IVT) fino alla formulazione finale. Il punto di divergenza chiave si verifica nella fase di preparazione del modello di DNA: il Processo 1 utilizza metodi enzimatici/PCR che producono modelli lineari con una quantità minima di DNA residuo, mentre il Processo 2 utilizza l'amplificazione del plasmide di E. coli introducendo contaminazione da DNA batterico e sequenze promotrici di SV40. Le fasi successive di IVT, purificazione, incapsulamento in LNP e riempimento-confezionamento sono simili, ma la scelta del modello a monte determina i profili di contaminazione. Fonte: Process and analytical strategies for the safe production of mRNA vaccines and therapeutics (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC12819531/) , PMC12819531

L'interruttore critico

Settembre 2022: Emendamento al Protocollo n. 20

Pfizer ha rimosso dalla sperimentazione clinica il gruppo di confronto previsto tra il Processo 1 e il Processo 2. Richieste di accesso agli atti hanno successivamente confermato che le autorità regolatorie avevano riconosciuto l'assenza di dati di equivalenza. La posizione pubblica è stata: "Nessun problema di sicurezza", nonostante gli allarmi interni.

Cosa significa: Il vaccino testato nella sperimentazione clinica (Processo 1) NON era lo stesso vaccino somministrato al pubblico (Processo 2). Il processo di produzione è cambiato a metà della sperimentazione senza:

- Confronto diretto sulla sicurezza
- Divulgazione pubblica del cambiamento
- Valutazione dei rischi di contaminazione del DNA
- Valutazione dell'attività biologica del promotore SV40
- Analisi di diversi profili di sicurezza

Fallimento normativo: se il processo 2 era equivalente al processo 1, perché è stato rimosso il confronto sulla sicurezza? Perché gli organi di controllo interni hanno espresso allarme pur continuando a rassicurare il pubblico? L'onere della prova è ricaduto sui produttori, che non hanno fornito alcun dato, e gli organi di controllo hanno accettato questa situazione senza richiedere prove.

Email di Health Canada relative alle richieste di accesso agli atti (pubblicazioni 2023-2024):

> *"Sì, perché Pfizer non ha identificato la presenza dell'enhancer del promotore SV40 sul plasmide stampo."*
>
> *"Il virus SV40 va assolutamente evitato!"*
>
> *"Rimediare alla situazione prima della campagna vaccinale dell'autunno 2024"*
>
> *"La dimensione del frammento è correlata alla probabilità di integrazione"*
>
> *"Riferimenti: nessuno" oltre all'affermazione "rischio minimo per la sicurezza"*

In countries in which the kidneys from near-term monkeys are used, the mother should be quarantined for the term of pregnancy.

All actions taken by working personnel should be based on the assumption that a great potential hazard exists at all times in the quarantine area. Personnel should be provided with protective clothing, including gloves, footwear and masks or visors. Street clothes should not be permitted in the animal rooms. Smoking, eating and drinking should be forbidden while personnel are in the animal rooms.

COMMENT 1

Health Canada is not aware of any peer-reviewed scientific evidence that would raise safety concerns over the residual SV40 regulatory elements present in the final vaccine product. [redacted] Please comment.

RESPONSE

[redacted] As stated in the response to Clarifax dated 04 August 2023 (submitted on 09 August 2023, under sequence 0004), these non-functional elements are not used for the mRNA drug substance production process. [redacted]

[redacted] As for the use of current plasmid DNA elements, considerable safety data are available. A comprehensive, multifaceted program is in place to ensure that the risk is acceptable with respect to potential viral contamination of drug substance. Additionally, the SV40 promoter/enhancer amounts in the drug product poses minimal safety risk for human use (refer to clarifax response submitted on 09 August 2023).

References

None

Se il processo 2 era equivalente al processo 1, perché è stato rimosso il confronto sulla sicurezza? Perché gli organi di controllo interni hanno espresso allarme pur continuando a rassicurare il pubblico?

McKernan et al. (2023-2026): Contaminazione del DNA confermata

OSF Preprint , DOI: 10.31219/osf.io/b9t7m (https://doi.org/10.31219/osf.io/b9t7m) **Journal of Independent Medicine, gennaio 2026** , DOI: 10.71189/JIM/2026/V02N01A04 (https://doi.org/10.71189/JIM/2026/V02N01A04)

Responsabile della ricerca: Kevin McKernan (Mediomics, ex MIT/Whitehead Institute)

Nove laboratori indipendenti, dislocati in quattro continenti, hanno confermato la presenza di livelli significativi di frammenti di DNA plasmidico nelle fiale di vaccino.

Laboratorio	Ritrovamento	Livello
McKernan (USA)	DNA plasmidico residuo 10-843 ng/dose	Fino a 84 volte il limite
König/Kirchner (Germania)	3.600-5.340 ng/dose	500 volte oltre il limite
Speicher et al. 2025 (autoimmunità)	Superamento fino a 627 volte	Il 100% dei lotti è contaminato.
Buckhaults (USA)	Contaminazione confermata + rischio oncogeno	Senato morale
Raoult (Francia)	Recupero completo del plasmide in fiale	Conferma diretta

Speicher et al. (2025) quantificazione sottoposta a revisione paritaria:

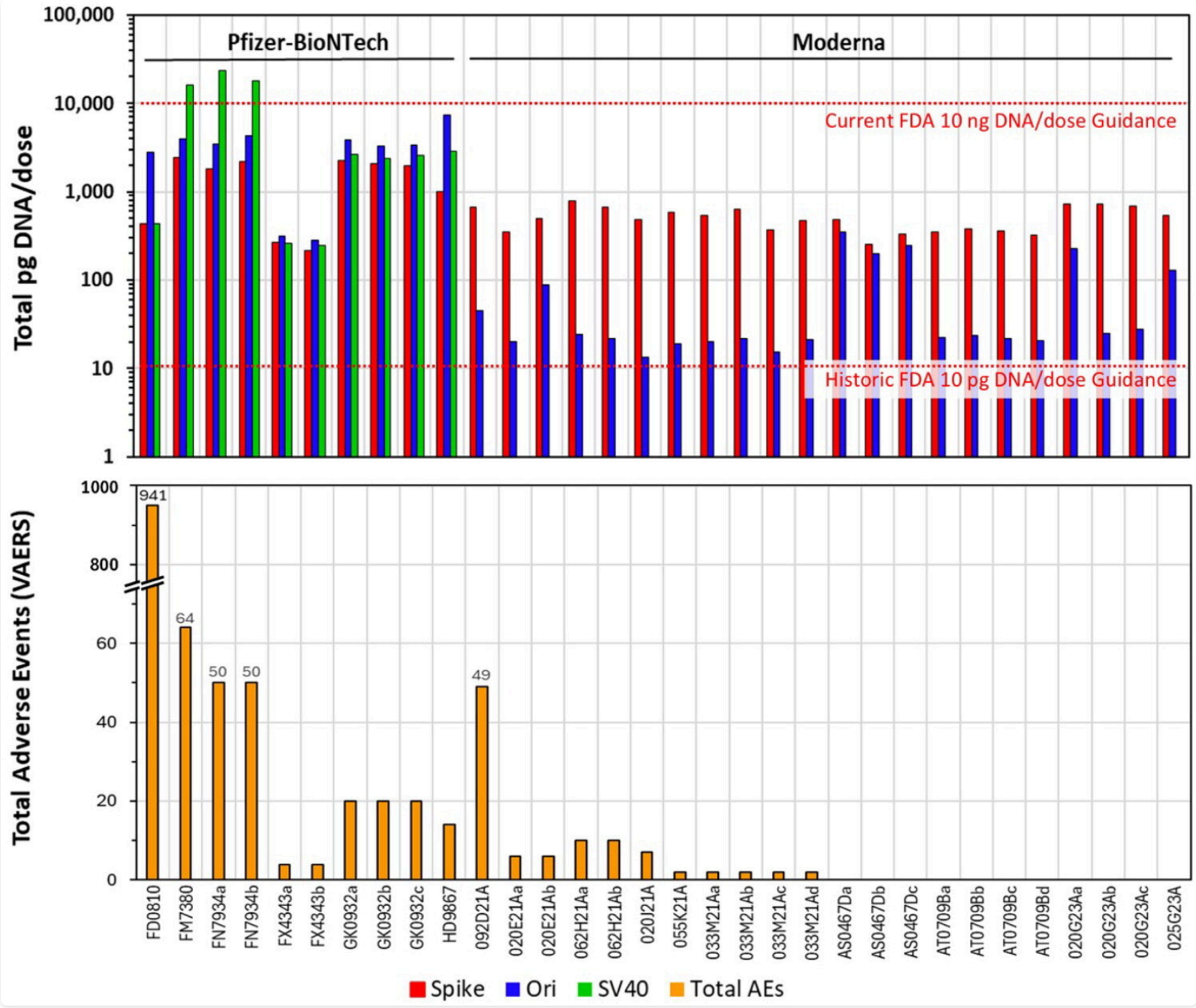
Autoimmunità , PMID: 40913499 (https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/40913499/)

Autore: David J. Speicher (Università di Guelph)

Analisi di 27 lotti di vaccino a mRNA:

- Contenuto di DNA: 0,22-510+ ng/dose (limite FDA/OMS: 10 ng/dose)
- Promotore-potenziatore SV40: 0,25-23,72 ng/dose in fiale Pfizer

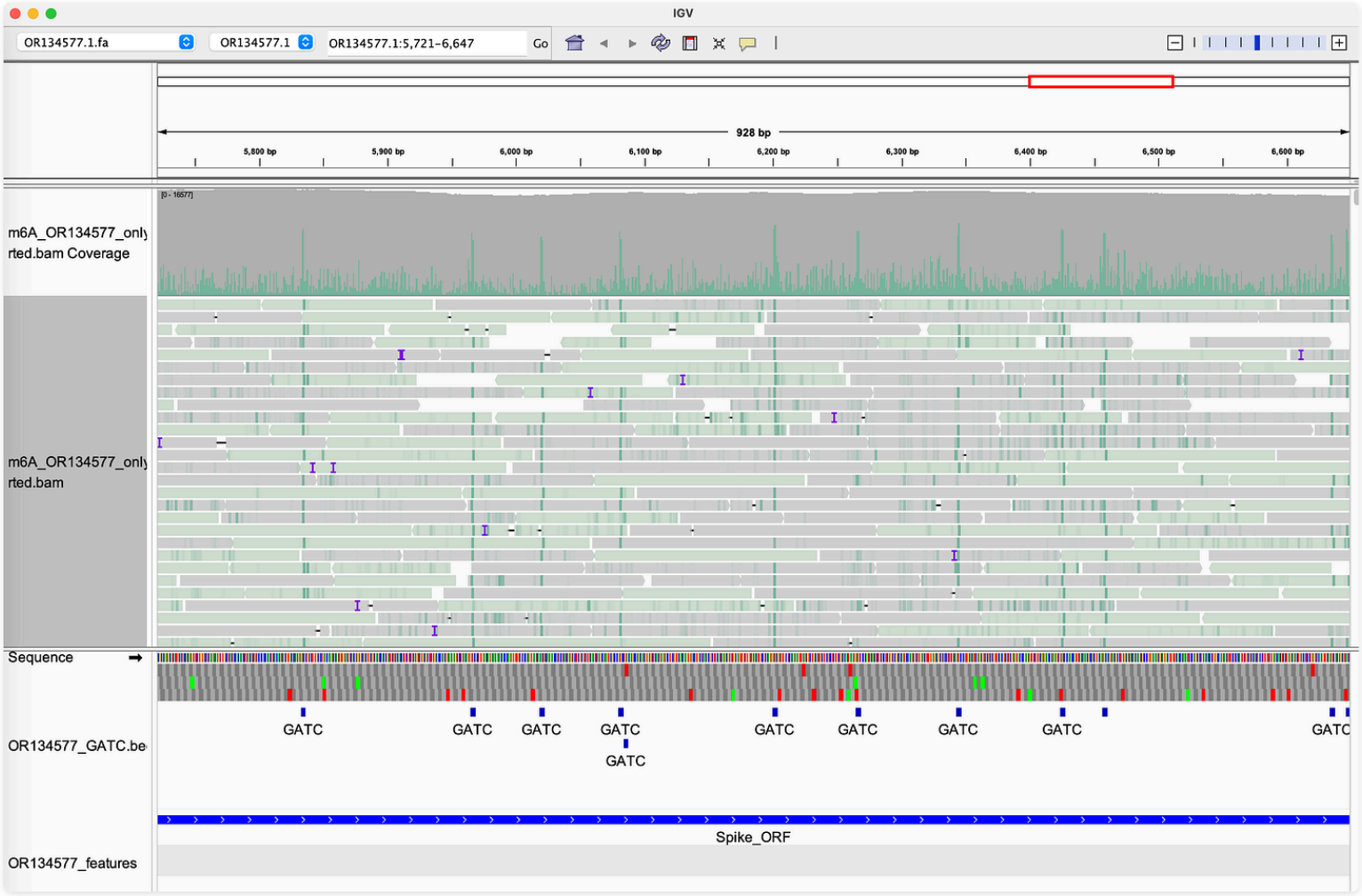
- Dimensione del frammento: fino a 3,5 kb (sufficientemente grande per l'integrazione funzionale)
- Varianza tra lotti: 815 volte superiore tra i lotti
- Correlazione VAERS: relazione diretta tra i livelli di DNA e le segnalazioni di eventi avversi



Il sequenziamento forense del lotto FL8095 della Pfizer effettuato da McKernan rivela:

1. Firma di metilazione batterica: N^6-metiladenina (m^6A) nei motivi GATC, impronta digitale della metilasi "Dam" di E. coli
2. Linearizzazione incompleta: frammenti di plasmide che non sono stati elaborati correttamente
3. Potenziatore SV40 "nudo": non metilato e biologicamente attivo

IGV
OR134577.1.fa
OR134577.1
OR134577.1:1,425-1,540
Go
116 bp
1,440 bp
1,460 bp
1,480 bp
1,500 bp
1,520 bp
1,540
m6A_OR134577_only
rted.bam Coverage
UNKNOWN
m6A_OR134577_only
rted.bam
Sequence
OR134577_GATC.be
GATC
GATC
GATC
GATC
OR134577_features
SV40_ori
NeoR_KanR
SV40_promoter
5 tracks
OR134577.1:1,449
5,083M of 8,262M


IGV
OR134577.1.fa
OR134577.1
OR134577.1:5,721-6,647
Go
928 bp
5,800 bp
5,900 bp
6,000 bp
6,100 bp
6,200 bp
6,300 bp
6,400 bp
6,500 bp
6,600 bp
m6A_OR134577_only
rted.bam Coverage
m6A_OR134577_only
rted.bam
Sequence
OR134577_GATC.be
GATC
GATC
GATC
GATC
GATC
GATC
GATC
GATC
GATC
GATC
OR134577_features
Spike_ORF

for its enhancement to the SV40 promoter and its nuclear localization signal (Dean et al. 1999) (Moreau et al. 1981).

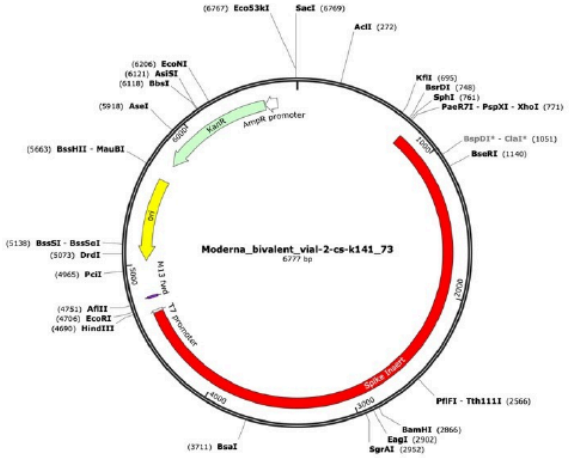


Figure 1. A Moderna vector assembly of an RNA-seq library with a spike insert (red), Kanamycin resistance gene (green) driven by an AmpR promoter and a high copy bacterial origin of replication (yellow).

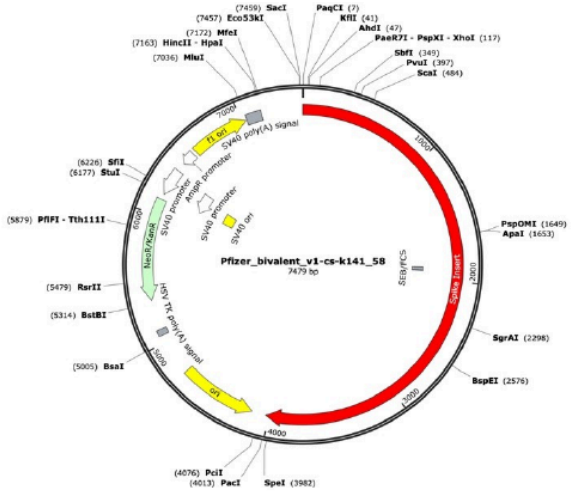


Figure 2. Pfizer bivalent vaccine assembly of the RNA-seq library. Annotated with SEB/FCS, spike insert (red), bacterial origin of replication (yellow), Neo/Kan resistance gene(green), F1 origin (yellow) and an SV40 promoter (yellow and white).

Non abbiamo a che fare con generici "frammenti di DNA". Abbiamo a che fare con DNA plasmidico batterico con pattern di metilazione immunostimolanti, promotori virali funzionali (SV40) non metilati e attivi, segnali di localizzazione nucleare che

consentono l'ingresso nel genoma e un sistema di rilascio LNP che protegge il DNA dalla degradazione e facilita l'assorbimento cellulare.

Gli ibridi RNA:DNA resistono alla digestione da parte della DNasi (aggiornamento 2026)

Journal of Independent Medicine, gennaio 2026, DOI 10.71189/JIM/2026/V02N01A04

McKernan, Rixey e Rose hanno dimostrato che gli ibridi RNA:DNA si formano durante la trascrizione in vitro (IVT) e resistono alla digestione standard con DNasi I utilizzata nella produzione. I test qPCR mirati al dsDNA rispetto agli ibridi mostrano discrepanze superiori a 100 volte, il che significa che gli ibridi sopravvivono alla purificazione e le impurità sono sottostimate nei test di regolamentazione.

Questo spiega perché la fluorimetria rileva superamenti di 36-627 volte mentre alcune analisi qPCR riportano valori "entro i limiti", evidenziando una vulnerabilità sistemica del processo produttivo che richiede una quantificazione che tenga conto degli ibridi o l'utilizzo di enzimi migliorati (DNasi I-XT).

Meccanismi del danno

Attivazione cronica dell'immunità innata

Il DNA batterico metilato m^6A è un potente ligando per cGAS-STING e TLR9. L'esposizione persistente a ligandi lipidici crea segnali di allarme cronici (non transitori). L'esposizione continua innesca la produzione di interferoni di tipo I, NF-κB, IL-6 e TNF-α. Conseguenze: stress ossidativo, danno mitocondriale, compromissione della riparazione del DNA, esaurimento immunitario, perdita di autotolleranza.

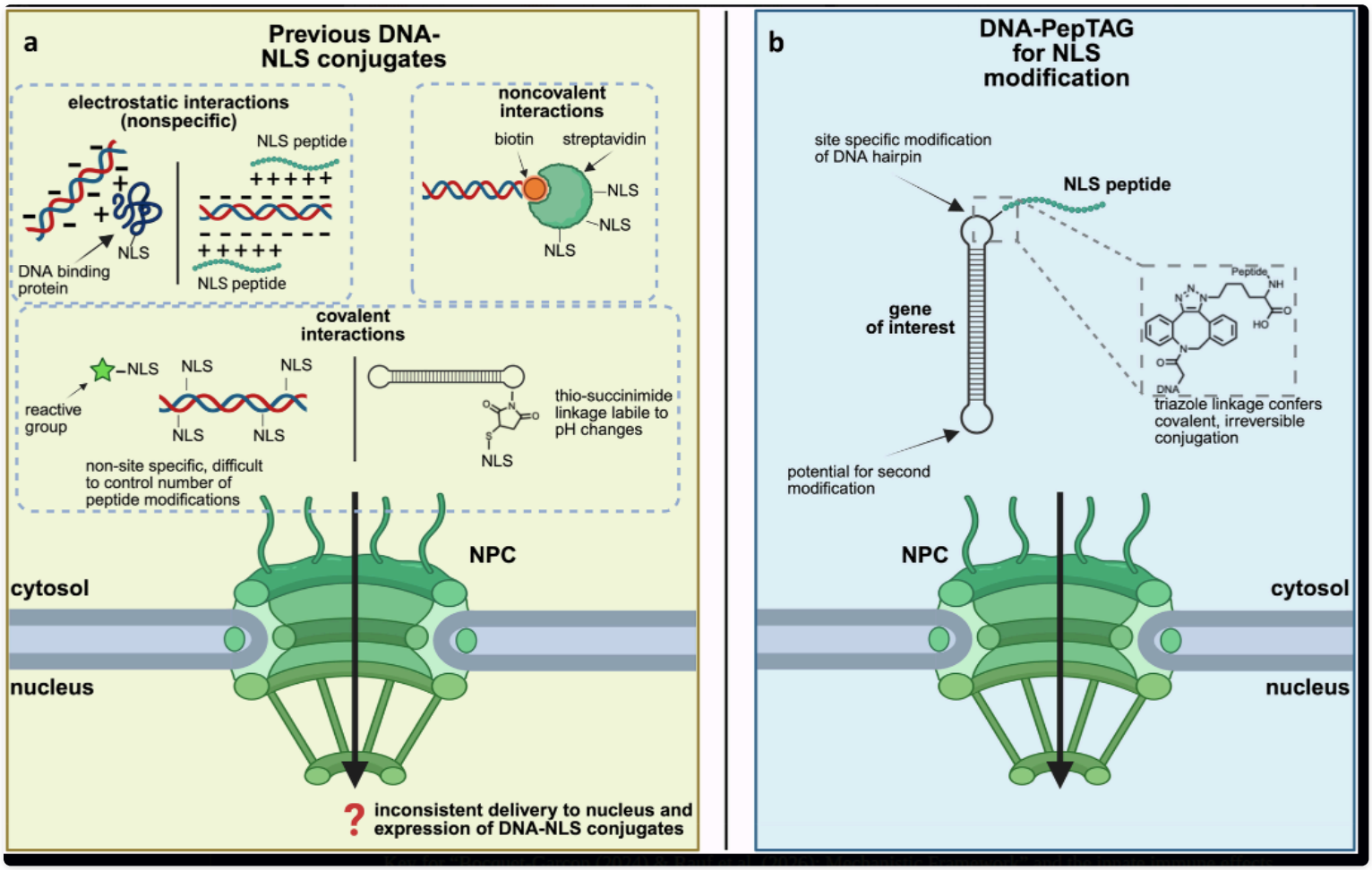
Interruzione dell'ipermutazione somatica

Preprint bioRxiv, gennaio 2024, DOI: 10.1101/2024.01.09.574829

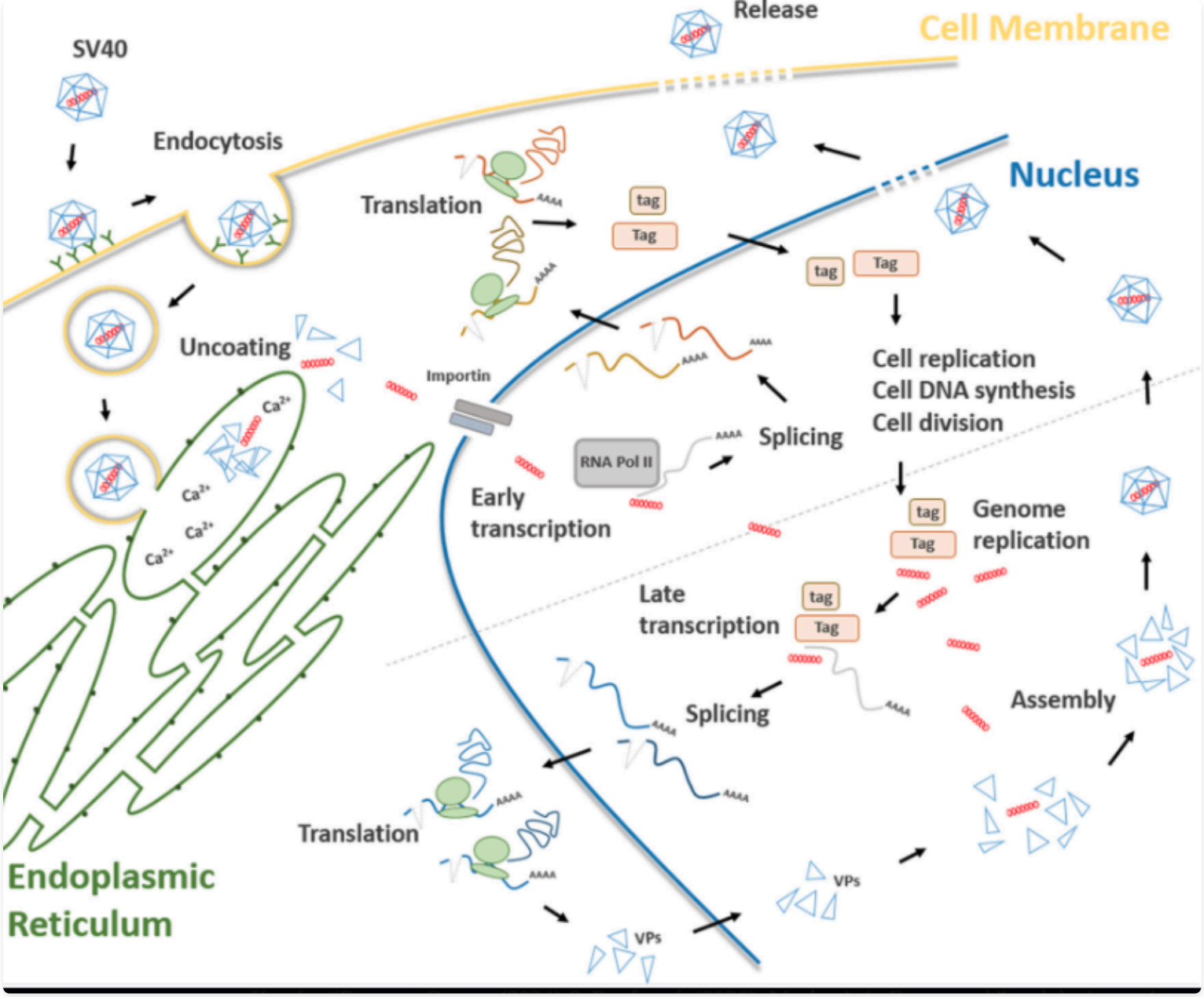
L'enhancer di SV40 funziona come elemento di targeting per l'ipermutazione somatica (SHM). L'AID (Activation-Induced Cytidine Deaminase) normalmente ha come bersaglio la diversificazione dei geni anticorpali. L'enhancer di SV40 contiene motivi di reclutamento per l'AID. SV40 potrebbe reindirizzare l'AID verso siti non bersaglio. Conseguenze: alterazione della diversità anticorpale + rischio di mutazioni

oncogeniche. Grado: MODERATO (dati meccanicistici in vitro, necessita di conferma in vivo)

Rischio legato alla localizzazione e all'integrazione nucleare



Fonte: Mohamedshah et al., Nature Communications 16, 68167 (2025) (https://doi.org/10.1038/s41467-025-68167-5) - Espressione altamente efficiente di coniugati DNA-peptide in cellule con crescita arrestata, a dimostrazione della funzione del segnale di localizzazione nucleare extSV40



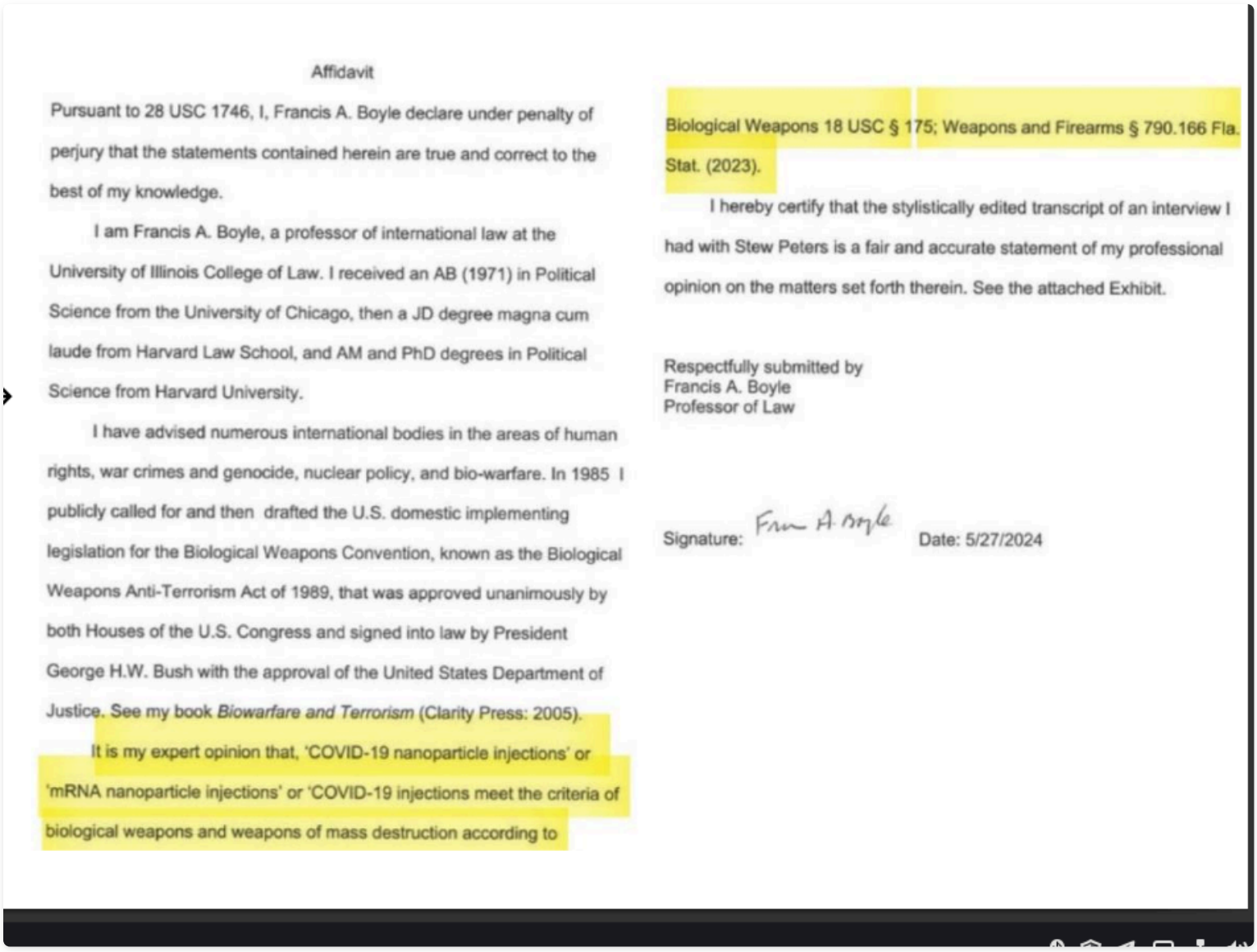
Fonte: Rotondo et al., Frontiers in Oncology 9, 670 (2019) (https://doi.org/10.3389/fonc.2019.00670) - Associazione tra il virus della scimmia 40 e i tumori umani, Figura 2

SV40 agisce sia come promotore che come segnale di localizzazione nucleare, un "passaporto" molecolare per il nucleo. I meccanismi di integrazione includono la ricombinazione non omologa delle estremità (NHEJ), l'inserzione mediata da retrotrasposoni (LINE-1) e i meccanismi di riparazione delle rotture a doppio filamento. Keith Peden della FDA ha stabilito un limite di 10 ng/dose specificamente per minimizzare il rischio di mutagenesi inserzionale. L'IARC classifica SV40 come cancerogeno di gruppo 2A (probabilmente cancerogeno per l'uomo).

Francis Boyle, JD, PhD (Harvard Law School, autore dell'US Biological Weapons Anti-Terrorism Act) ha lanciato un avvertimento nel 2022 in una dichiarazione giurata:

> *"La tecnologia dei vaccini a mRNA rappresenta uno sviluppo pericoloso e illegale di agenti di guerra biologica offensivi... La sequenza del promotore SV40 è un noto*

> *segnale di localizzazione nucleare che facilita l'integrazione genomica... Ciò costituisce una violazione della Convenzione sulle armi biologiche."*



Affidavit

Pursuant to 28 USC 1746, I, Francis A. Boyle declare under penalty of perjury that the statements contained herein are true and correct to the best of my knowledge.

I am Francis A. Boyle, a professor of international law at the University of Illinois College of Law. I received an AB (1971) in Political Science from the University of Chicago, then a JD degree magna cum laude from Harvard Law School, and AM and PhD degrees in Political Science from Harvard University.

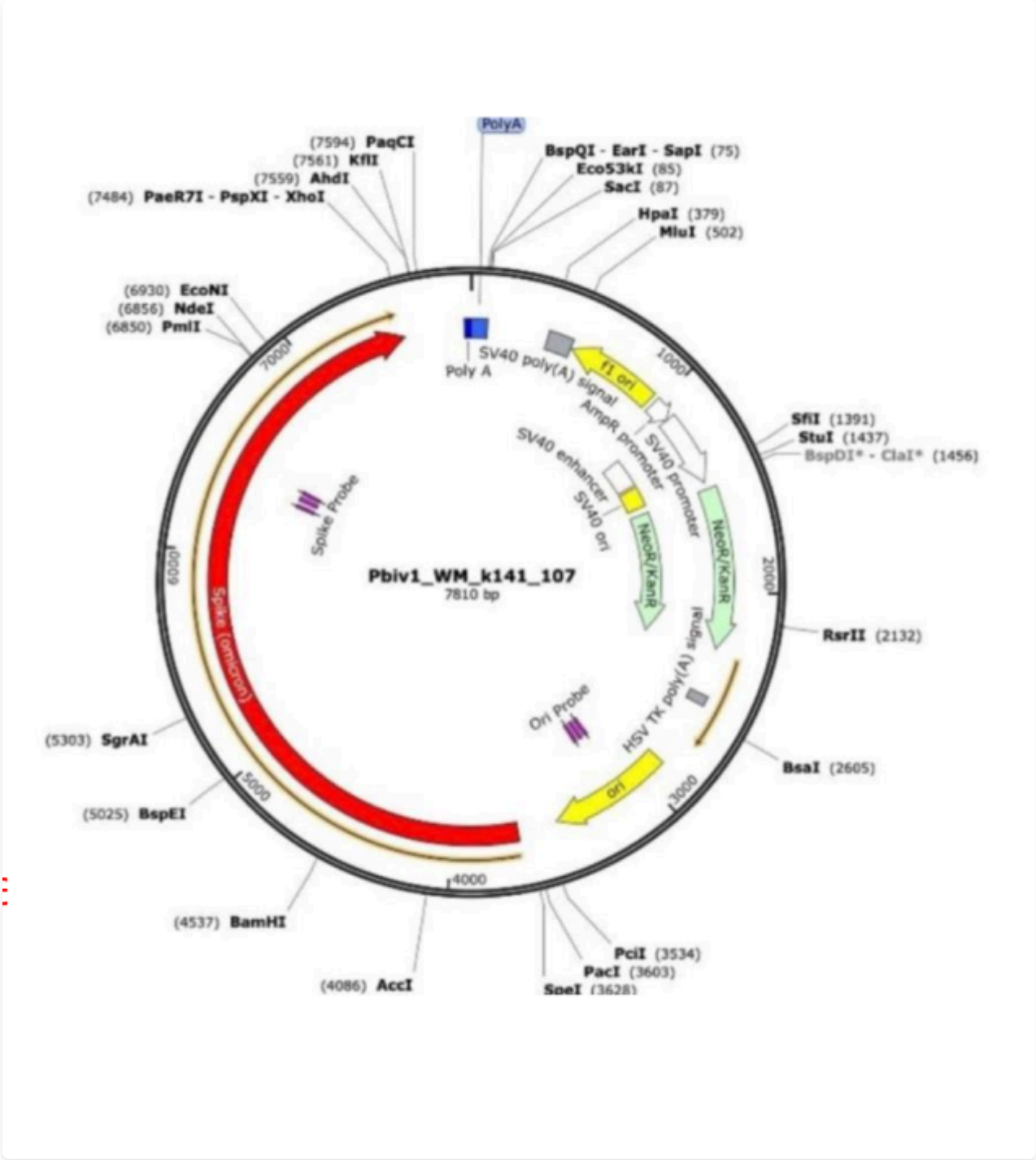
I have advised numerous international bodies in the areas of human rights, war crimes and genocide, nuclear policy, and bio-warfare. In 1985 I publicly called for and then drafted the U.S. domestic implementing legislation for the Biological Weapons Convention, known as the Biological Weapons Anti-Terrorism Act of 1989, that was approved unanimously by both Houses of the U.S. Congress and signed into law by President George H.W. Bush with the approval of the United States Department of Justice. See my book *Biowarfare and Terrorism* (Clarity Press: 2005).

It is my expert opinion that, 'COVID-19 nanoparticle injections' or 'mRNA nanoparticle injections' or 'COVID-19 injections meet the criteria of biological weapons and weapons of mass destruction according to Biological Weapons 18 USC § 175; Weapons and Firearms § 790.166 Fla. Stat. (2023).

I hereby certify that the stylistically edited transcript of an interview I had with Stew Peters is a fair and accurate statement of my professional opinion on the matters set forth therein. See the attached Exhibit.

Respectfully submitted by
Francis A. Boyle
Professor of Law

Signature: Fran A. Boyle Date: 5/27/2024



Evidenze emergenti a livello di caso (2025): un rapporto di caso anonimizzato (IJIRMS, ottobre 2025, Zenodo: doi:10.5281/zenodo.xxxxx) descrive una donna di 31 anni che ha sviluppato un carcinoma vescicale aggressivo in stadio IV circa 12 mesi dopo la serie Moderna. L'analisi multi-omica ha rilevato una lettura chimerica ospite-vettore nel ctDNA: corrispondenza perfetta di 20/20 bp con l'ORF di Spike (plasmide di riferimento Pfizer OR134577.1), mappato su chr19q13.42 (non-safe-harbor, vicino ai geni ZNF, soggetto a ricombinazione). Improbabilità statistica stimata a 1 su trilione per una corrispondenza casuale. Caso singolo, nessuna causalità dimostrata, ma necessita urgentemente di validazione con lettura lunga ortogonale.

Stato attuale: Nessuno studio di integrazione a livello di popolazione. Caso sentinella biologicamente plausibile, segnalato, richiede un'indagine urgente con sequenziamento a lettura lunga del ctDNA e marcatori di attività LINE-1.

Minaccia aggiuntiva: promotori criptici di origine batterica

Lemp et al. (Nucleic Acids Research, 2012, PMID 22618870) hanno dimostrato che le origini ColE1/pUC, esattamente le origini batteriche utilizzate nei plasmidi vaccinali, contengono promotori mammiferi criptici che guidano la trascrizione continua senza richiedere l'integrazione genomica.

L'analisi RNA-Seq del sangue dei soggetti vaccinati, condotta da Ryan et al., mostra una copertura elevata precisamente sulla regione ori (bp 2890–3478), a dimostrazione dell'attività di trascrizione in vivo.

Perché è importante:

I modelli di rischio tradizionali presuppongono che il DNA debba integrarsi per causare danni. I promotori criptici dimostrano che ciò è falso:

- **Persistenza episodica** = espressione continua senza integrazione
- **Sistemi a doppio promotore** = SV40 (ingresso nucleare) + ColE1 (lettura continua)
- **Meccanismo noto** = L'articolo di Lemp del 2012 è precedente alla pandemia.
- **Punto cieco normativo** = Mai affrontato nelle valutazioni del rischio

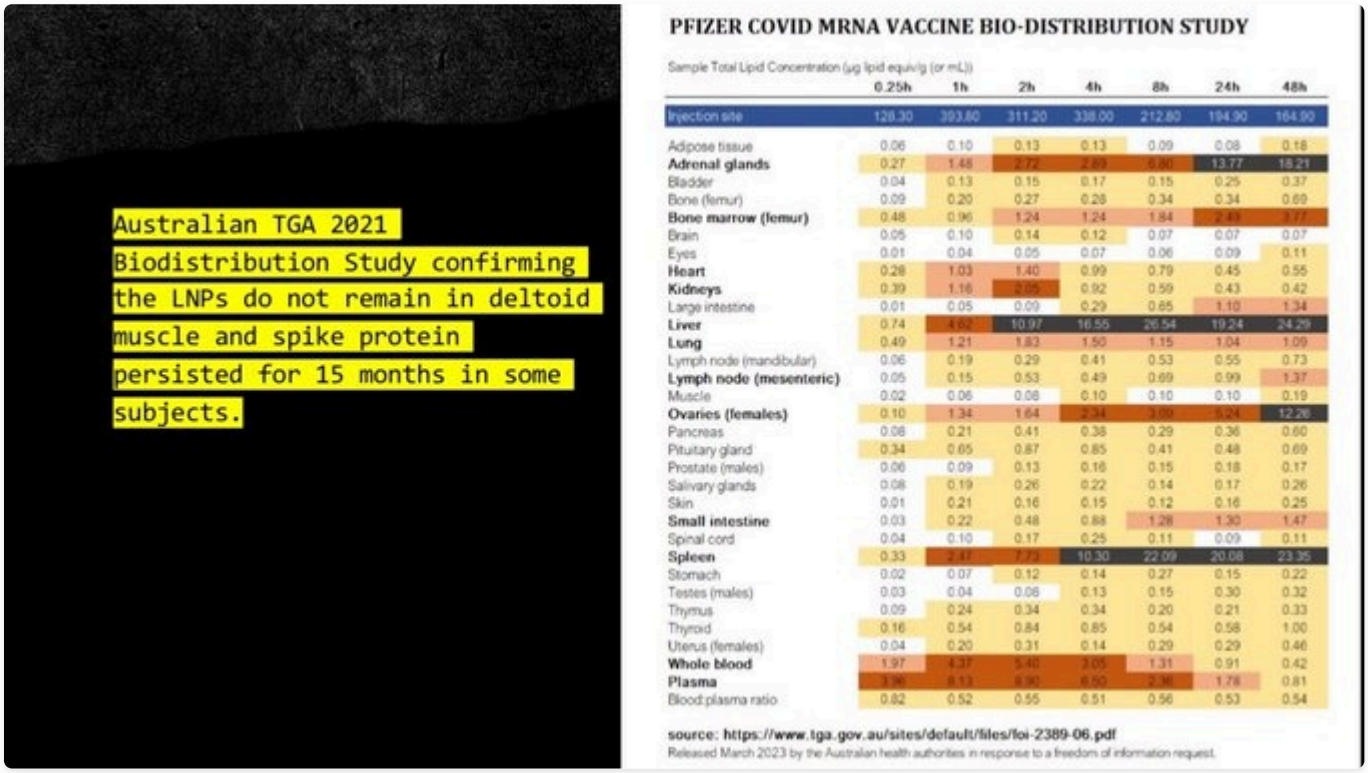
Questo crea un'attività biologica indipendente dall'integrazione a partire dal DNA residuo, uno scenario che produttori e autorità di regolamentazione non hanno mai studiato.

DOI: 10.1093/nar/gks451

Persistenza della proteina Spike

Studio	Ritrovamento	Durata	Grado
Röltgen et al. 2022 (Cellula)	mRNA e picco nei centri germinativi	60+ giorni	ALTO
Patterson et al. 2021 (Frontiers)	S1 nei monociti	15+ mesi	MODERATO-ALTO

Studio	Ritrovamento	Durata	Grado
Rong et al. 2024 (Cell Host Microbe)	Picco nell'asse cranio-meningi-cervello	Non specificato	MODERARE
Ota et al. 2025 (PMID 40184822)	Picco nelle arterie cerebrali	17 mesi	MODERARE
Bhattacharjee 2025 (medRxiv)	Picco circolante	709 giorni	MODERATO (preprint)



Rong et al. (2024, Cell Host Microbe, PMID 39615487) hanno utilizzato la trasparenza ottica e l'imaging per dimostrare l'accumulo di Spike nel midollo cranico, nelle meningi e nel parenchima cerebrale dei pazienti affetti da COVID-19, persistente a lungo dopo l'eliminazione del virus. Ciò suggerisce un contributo alle sequele neurologiche (nebbia cerebrale, mal di testa, disfunzione cognitiva).

Stein et al. (2022, *Nature*) hanno analizzato un'autopsia (N=44) rilevando RNA e proteine del SARS-CoV-2 nei **gangli della base e in altri siti del SNC fino a 230 giorni** dopo l'infezione, dimostrando la capacità della proteina Spike di persistere in profondità nel tessuto cerebrale, in particolare nelle regioni dei gangli della base, fondamentali per il controllo motorio e la funzione cognitiva [PMID: 36517603].

Criteri HAND UCSF 2022 : Nei pazienti post-COVID con sintomi cognitivi, **il 59% soddisfaceva i criteri diagnostici formali per il disturbo neurocognitivo associato**

all'HIV (HAND) utilizzando la stessa batteria neuropsicologica impiegata nelle cliniche per l'HIV, dimostrando che l'esposizione alla proteina Spike può produrre un deterioramento cognitivo clinicamente significativo, indistinguibile dalla malattia cerebrale associata all'HIV.

Se il picco virale derivante da un'infezione naturale può persistere per oltre 15 mesi e i vaccini a mRNA producono il picco virale tramite LNP che si distribuiscono a livello sistemico, per quanto tempo persiste il picco virale indotto dal vaccino?

Non lo sappiamo. Nessuno studio ha misurato specificamente la durata della proteina spike derivata dal vaccino oltre i 60 giorni.

Profilo di tossicità della proteina spike persistente: legame con ACE2 → danno vascolare, disfunzione endoteliale. Sito di clivaggio della furina → S1 (amiloide/neuroinfiammatorio) + S2 (fusogenico). Formazione di amiloide → interazione diretta con il fibrinogeno → microcoaguli resistenti. Domini prionici → potenziale per cascate di misfolding proteico. Interferenza mitocondriale → alterazione del metabolismo energetico. Induzione di autoimmunità → mimetismo molecolare, diffusione dell'epitopo.

Meccanismi di ingresso indipendenti da ACE2: Oltre a ACE2, la proteina Spike si lega a molteplici recettori alternativi, consentendo il tropismo tissutale e la persistenza:

- **TMEM106B** (recettore lisosomiale): Facilita l'accumulo endolisosomiale e la trasmissione da cellula a cellula senza replicazione virale (Baglieri et al., 2023, PMID 37421949 (https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/37421949/))
- **Gangliosidi GM1/2/3** : penetrazione diretta della membrana tramite legame con l'acido sialico, il che spiega il neurotropismo e l'anosmia (Wang et al., 2021, PMID 34754101 (https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34754101/))
- **Recettori AXL/TAM** : dirottano i percorsi di efferocitosi, compromettendo la rimozione delle cellule apoptotiche (vedi sopra).
- **Rottura della barriera emato-encefalica mediata da MMP-9** : la proteina Spike del SARS-CoV-2 stimola la microglia umana a rilasciare **la metalloproteinasi-9 della matrice (MMP-9)** , i cui livelli risultano elevati nei pazienti affetti da Long COVID; l'MMP-9 degrada le proteine delle giunzioni strette, contribuendo direttamente alla rottura della barriera emato-encefalica (PMID: 39403255 (https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/39403255/)).

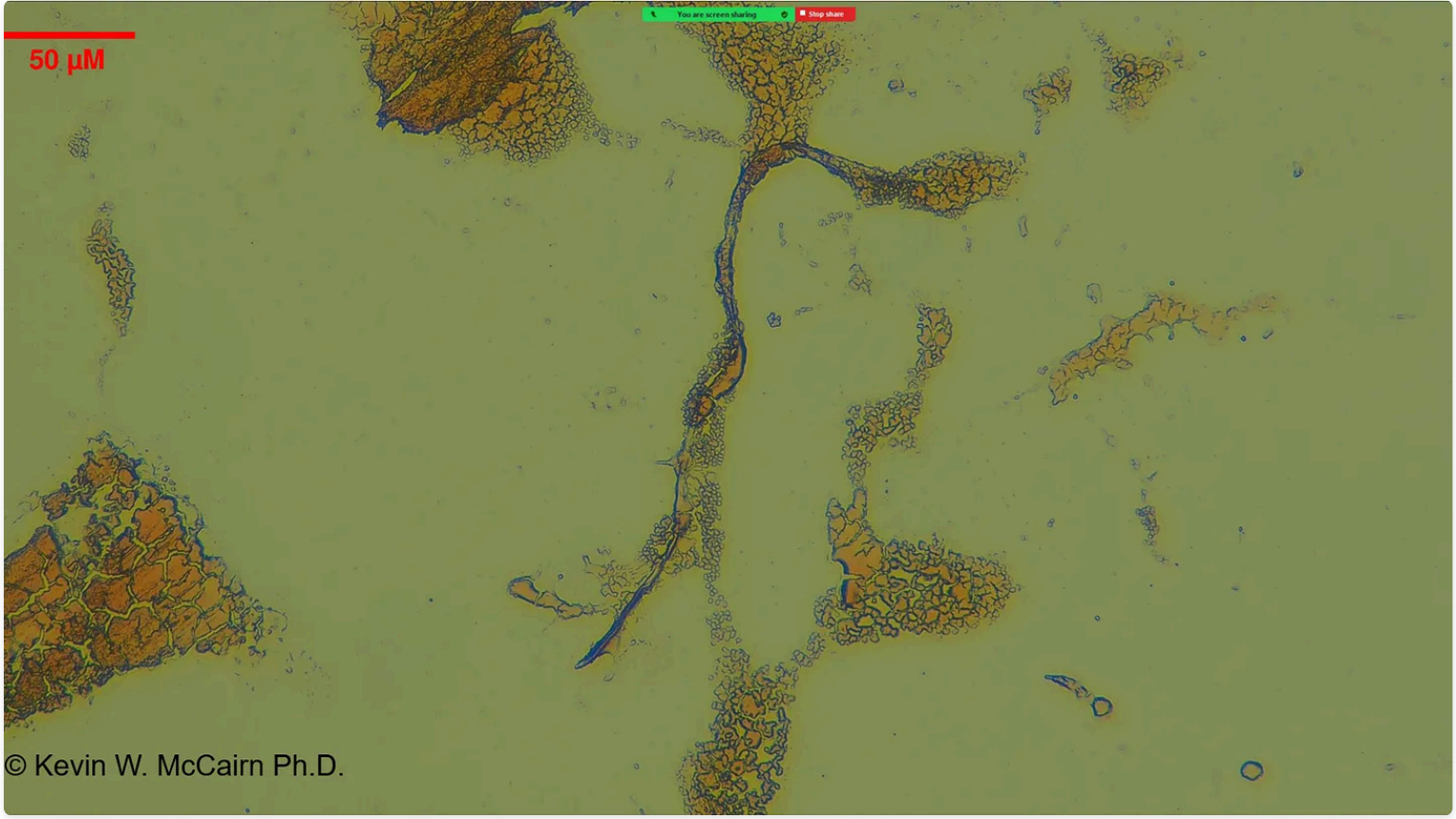
Per un'analisi dettagliata di questi meccanismi, si veda Persistenza delle proteine Spike: microcoaguli, virus riattivati e mancata eliminazione (https://measslainte.com/spike-persistence-microclots-reactivated-viruses/) .

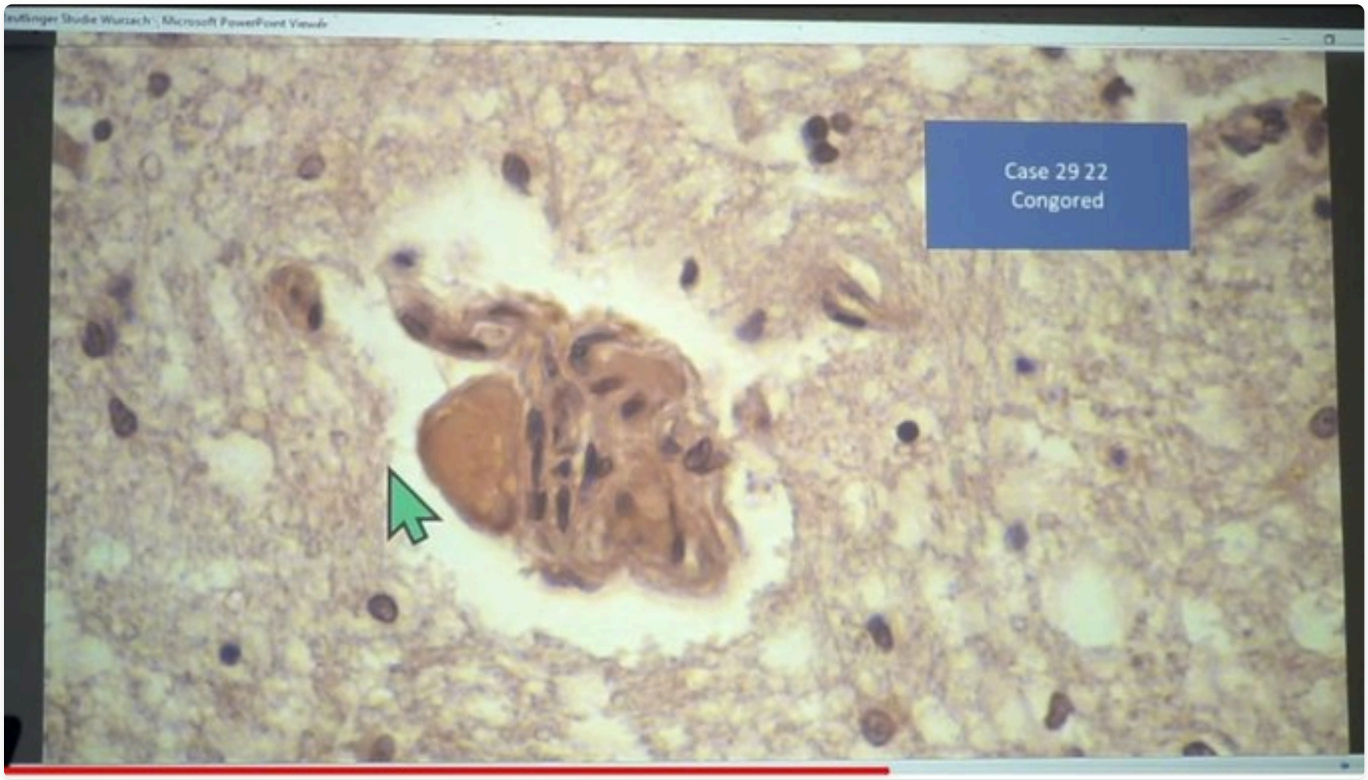
Picco persistente = tossicità multisistemica persistente.

Microcoaguli di fibrina amiloide

Risultati forensi di McCairn et al. (2025):

"Calamari da cadavere", insoliti coaguli fibrosi bianchi, gommosi, distinti dai trombi tipici. Caratteristiche amiloidi: reattività alla tioflavina T, autofluorescenza, ultrastruttura fibrillare. La PCR ha suggerito la presenza di SV40/ori.





Caso gestazionale: bambino di 3 anni con esposizione a mRNA in utero. Fibrille positive alla tioflavina T nel sangue periferico. Omologia morfologica con coaguli di cadavere. Potenziale trasmissione transplacentare e persistenza a lungo termine.

Fondazione scientifica Pretorius/Kell (2021-2025): Grobbelaar et al. 2021 (PMID 34328172): Spike induce lo stato amiloide nel fibrinogeno. Pretorius et al. 2021-2022: Microcoaguli resistenti alla fibrinolisi nel Long COVID. Nature 2024 (DOI 10.1038/s41586-024-07873-4): Il legame Spike-fibrina determina la tromboinfiammazione.

Il meccanismo: la proteina Spike si lega al fibrinogeno, inducendo un cambiamento conformazionale verso lo stato amiloide (ricco di foglietti beta), i coaguli diventano resistenti alla fibrinolisi, persistono nei capillari → ischemia microvascolare → sintomi (affaticamento, annebbiamento mentale, dispnea, palpitazioni).

La crisi diagnostica: i test standard (D-dimero, pannelli di coagulazione) non rilevano i microcoaguli di fibrina amiloide. I pazienti con patologie organiche vengono liquidati come affetti da "ansia" o "psicosomia".

Livello: MODERATO (dati meccanicistici sottoposti a revisione paritaria + rapporti dei ricercatori che necessitano di essere replicati)

Controprove e dibattito metodologico

Le analisi tradizionali, condotte con metodologie diverse, riportano risultati contrastanti.

npj Vaccines (dicembre 2025, DOI 10.1038/s41541-025-01304-9) ha utilizzato quattro metodi ortogonali su 15 lotti e ha riscontrato DNA residuo al di sotto dei limiti utilizzando metodi controllati, attribuendo le discrepanze alle differenze nei test.

Il vaccino (2026) non afferma di avere alcun meccanismo di integrazione plausibile sulla base delle attuali conoscenze.

La Thailandia DMSC e il CDC ACIP (2025) hanno ribadito che i livelli di DNA sono "entro i limiti" tramite test validati.

La discrepanza: qPCR vs. fluorimetria vs. sequenziamento Oxford Nanopore e se gli ibridi RNA:DNA vengono rilevati o meno. L'articolo di McKernan del 2026 pubblicato sul Journal of Independent Medicine dimostra che gli ibridi RNA:DNA resistono alla digestione standard con DNasi e sono sottostimati dalla qPCR, il che spiega perché la fluorimetria rileva una quantità di DNA 100 volte superiore rispetto ad alcuni test qPCR.

Ciò sottolinea la necessità di protocolli standardizzati, che tengano conto degli approcci ibridi, e di replicazioni indipendenti per risolvere i conflitti metodologici.

Agenzia	Posizione	Prova
Dipartimento della Salute della Florida	Interruzione dell'utilizzo dell'mRNA, a causa del	Studi di biodistribuzione/integrazione

Agenzia	Posizione	Prova
(gennaio 2024)	rischio oncogeno del virus SV40.	richiesti
FDA (dicembre 2023)	Frammento SV40 "inattivo" senza origine	Non si riscontra alcun rischio oncogeno.
TGA Australia (dicembre 2024)	Riconoscere il virus SV40, negare il legame con il cancro.	Sulla base della mancanza di prove epidemiologiche
Health Canada (e-mail FOI)	Allarme interno documentato	"Il virus SV40 va evitato"

Errore nei test normativi: il bersaglio sbagliato

Al di là della divergenza tra posizione pubblica e privata, Kevin McKernan ha individuato un difetto fondamentale nel modo in cui gli enti regolatori misurano la contaminazione del DNA:

> *"La TGA sostiene che il Processo 1 abbia amplificato la proteina Spike, ma il loro test di contaminazione del DNA non rileva la proteina Spike? Rileva la proteina KAN, che non viene amplificata."*
>
> ***NASCONDI LA PALLA.*** *" Kevin McKernan, analisi forense del sequenziamento (https://anandamide.substack.com/p/dam-methylation-and-cgas-sting)*

Il nocciolo del problema: non si tratta semplicemente di un errore di targeting, bensì di un difetto strutturale concepito per sottovalutare il rischio.

> *"Questo è il nocciolo del problema. La regione a forma di spina non può essere distrutta dalla DNasi I."*
>
> *La regione KAN può essere distrutta.*
>
> *Pharma misura solo KAN.*
>
> *Un'altra partita a nascondino. Kevin McKernan, analisi della contaminazione del DNA (https://anandamide.substack.com/p/dam-methylation-and-cgas-sting)*

Perché è importante: durante la trascrizione in vitro (IVT), i modelli di mRNA e DNA formano **ibridi RNA:DNA** che resistono alla digestione con DNasi I, la fase di purificazione standard nella produzione. La regione codificante per la proteina Spike, essendo parte della sequenza trascritta, è protetta in questi ibridi. La regione di resistenza alla kanamicina (KAN), al di fuori dell'area trascritta, rimane esposta e viene distrutta dalla DNasi.

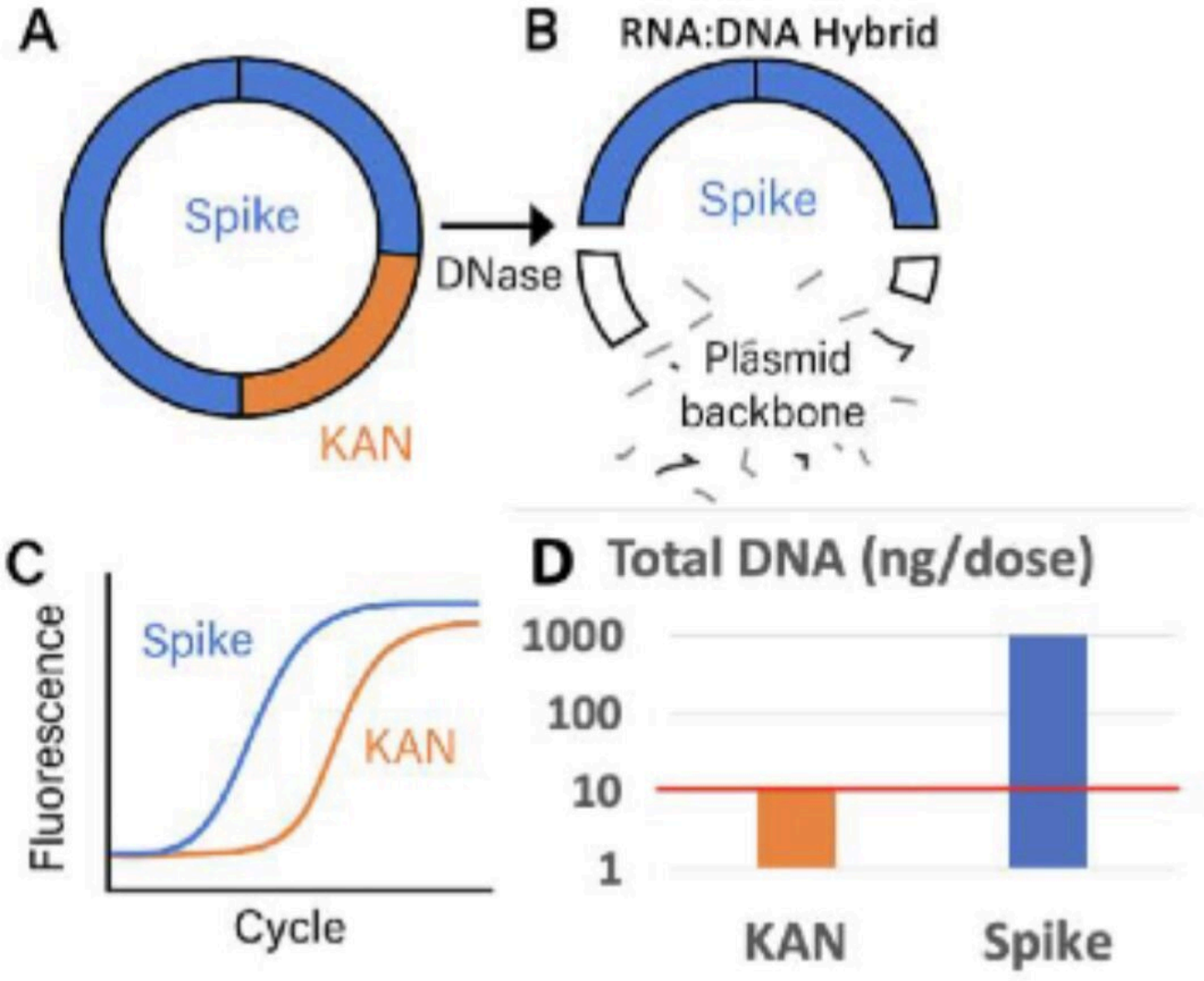


Figura: Diagramma di Kevin McKernan che illustra il difetto di protezione dalla DNasi. Durante la trascrizione in vitro (IVT), la regione codificante per la proteina Spike forma ibridi RNA:DNA che resistono alla digestione da parte della DNasi I. La regione KAN (resistenza alla kanamicina) rimane al di fuori dell'ibrido, esposta alla distruzione da parte della DNasi. I test qPCR regolatori prendono di mira la regione KAN (distrutta) invece della proteina Spike (protetta), sottostimando sistematicamente i livelli effettivi di contaminazione del DNA. Fonte: Kevin McKernan, Analisi della contaminazione del DNA (https://anandamide.substack.com/p/dam-methylation-and-cgas-sting)

Il difetto: progettando test qPCR che prendono di mira KAN (la regione distrutta) invece di Spike (la regione protetta), gli enti regolatori misurano il DNA che **è stato rimosso con successo** anziché il DNA che **sopravvive alla purificazione** . È come testare la contaminazione dell'acqua misurando il cloro aggiunto invece del piombo che non si è riusciti a rimuovere.

Il problema è spiegato così: il test qPCR della TGA si basa sul gene di resistenza alla kanamicina (KAN), un marcatore batterico di resistenza agli antibiotici che non era presente nel Processo 1 di produzione per la sperimentazione clinica. Il Processo 1 utilizzava modelli di DNA amplificati tramite PCR senza plasmidi batterici. Il Processo 2 è passato a plasmidi di E. coli contenenti marcatori KAN. Testando il gene KAN anziché la proteina Spike o altre sequenze rilevanti, gli enti regolatori creano una falsa equivalenza tra processi di produzione fondamentalmente diversi.

Cosa significa: i test normativi sulla "contaminazione del DNA" sottovalutano sistematicamente il rischio reale. Il test si concentra su un gene di resistenza agli antibiotici derivante dalla produzione di plasmidi batterici, anziché misurare i frammenti di DNA che codificano per la proteina Spike e che contaminano le fiale del Processo 2. L'analisi dell'esperta Christine Cotton conferma questa discrepanza metodologica (Christine Cotton - English Expertise, aggiornamento di dicembre 2024 (https://christinecotton.fr/english_expertise_updated)).

Non si tratta semplicemente di una svista tecnica, ma di un difetto strutturale che rende scientificamente invalide le dichiarazioni di sicurezza richieste dalle autorità regolatorie. Quando si esegue il test nella sequenza sbagliata, non si misura la sicurezza, bensì un parametro inesistente nel prodotto che si intende verificare.

Cosa non è stato fatto: Nessun confronto diretto tra il Processo 1 e il Processo 2 in termini di sicurezza. Nessuna replicazione di livello GMP dei risultati di laboratori indipendenti. Nessuno studio di integrazione a lungo termine. Nessuna pubblicazione delle deliberazioni interne in materia di regolamentazione. Nessun monitoraggio della persistenza dei picchi post-commercializzazione.

Cosa è stato fatto invece: Respingere i risultati indipendenti come "disinformazione". Affidarsi alle affermazioni del produttore senza verifica. Modifiche alla definizione (definizione di vaccino del CDC, settembre 2021). Rimozione delle coorti di sicurezza previste. Allarme interno documentato ma non reso pubblico.

Divergenza nelle posizioni normative: FDA/EMA sostengono che i livelli di DNA rientrino nei limiti sulla base di test qPCR. Laboratori indipendenti segnalano superamenti dei limiti sulla base di fluorimetria e sequenziamento Nanopore. La discrepanza deriva dal rilevamento degli ibridi RNA:DNA.

Le ragioni per una sospensione precauzionale

Sei prove indipendenti puntano nella stessa direzione:

Difetti di fabbricazione: il processo 2 contiene contaminanti attivi non studiati nelle prove

Contaminazione del DNA: i promotori di SV40 superano i limiti normativi fino a 627 volte.

Persistenza della proteina Spike: la proteina Spike derivata dal vaccino persiste nei tessuti per oltre 15 mesi.

Tolleranza immunitaria IgG4: i richiami ripetuti causano il cambio di classe anticorpale, compromettono la clearance virale e aumentano il rischio di infezioni ricorrenti.

Mancato rispetto delle normative: allarme interno senza divulgazione pubblica né azioni correttive.

Patologia persistente: microcoaguli di amiloide = disabilità cronica

Quando esistono molteplici meccanismi biologicamente plausibili, la trasparenza normativa è venuta meno, le modifiche alla produzione non sono state studiate adeguatamente, le conseguenze a livello di popolazione sono sconosciute ma potenzialmente gravi e i primi segnali mostrano una correlazione tra eventi avversi e livelli di contaminazione, la risposta non è "dimostrare prima il danno, poi interrompere". La risposta è "dimostrare prima la sicurezza, poi procedere".

Azioni immediate (entro 30 giorni): Interrompere la distribuzione del vaccino a mRNA fino al completamento del confronto di sicurezza tra il Processo 1 e il Processo 2, all'esecuzione di studi di biodistribuzione e integrazione di SV40, alla quantificazione della durata della persistenza della proteina spike e alla valutazione della prevalenza dei microcoaguli amiloidi. **Replicazione indipendente** dei risultati di contaminazione: analisi multicentrica in cieco; test su fiale di grado GMP; pubblicazione dei dati grezzi.

Monitoraggio dei biomarcatori per le popolazioni esposte: proteina spike (LC-MS/MS); marcatori infiammatori (IL-6, TNF-α, CRP); pannelli di autoimmunità; marcatori di coagulazione/fibrinolisi; marcatori di danno al DNA (γH2AX). **Riconoscimento clinico** delle sindromi da danno vaccinale: riconoscere la patologia dei microcoaguli amiloidi; sviluppare protocolli diagnostici; finanziare la ricerca sui trattamenti (fibrinolitici, resolvine, modulatori di AXL). **Riforma normativa:** separare la valutazione della sicurezza dall'approvazione del prodotto; eliminare la dipendenza dai dati del solo produttore; imporre la trasparenza pubblica delle deliberazioni interne; sorveglianza post-commercializzazione indipendente con potere di applicazione.

Per coloro che manifestano sintomi

Manifestazioni comuni di danno da vaccino a mRNA:

- Affaticamento: non migliora con il riposo, "iperattivi ma stanchi".
- Neurologico: Nebbia mentale, difficoltà a trovare le parole, parestesie
- Cardiache: Palpitazioni, dolore toracico, dispnea (spesso con ECG/troponina normali)
- Malattie autoimmuni: nuove allergie, dolori articolari, eruzioni cutanee
- Disautonomia: sintomi simili alla POTS, disregolazione della temperatura
- Intolleranza allo sforzo: riacutizzazioni di malessere post-sforzo (PEM).

Quadro di riferimento per il monitoraggio dei biomarcatori:

Pannello	Biomarcatore	Frequenza	Scopo
Arpione	Rapporto anti-spike, LC-MS/MS	8-12 settimane	Monitoraggio della persistenza
Infiammazione	hs-CRP, IL-6, TNF-α	8-12 settimane	Attivazione cronica
Autoimmunità	ANA, antifosfolipidi	12-16 settimane	Indicatori di auto-attacco
Coagulazione	D-dimero, fibrinogeno	8-12 settimane	Valutazione dei microcoaguli

Pannello	Biomarcatore	Frequenza	Scopo
Cellulare	LDH, ferritina	8-12 settimane	ricambio cellulare
Emergenti	Sequenziamento a lettura lunga del ctDNA, marcatori di attività LINE-1	Come indicato	Monitoraggio dell'integrazione

Avvertenze importanti: l'assenza di test non implica l'assenza di rischio. Esami di laboratorio standard nella norma non indicano l'assenza di patologia (microcoaguli di amiloide invisibili al D-dimero). I sintomi meritano di essere indagati indipendentemente dai risultati dei test. Il giudizio clinico è più importante dell'esclusione algoritmica.

Diagnostica emergente: microscopia a fluorescenza per microcoaguli amiloidi (protocollo Synaptek Labs); LC-MS/MS per la quantificazione della proteina spike; pannelli di coagulazione specializzati; profilazione degli autoanticorpi.

Domande frequenti

"Non si tratta forse di disinformazione contro i vaccini?"

Etichettare le preoccupazioni documentate come "disinformazione" significa evitare di affrontare le prove. Le fonti primarie sono riviste scientifiche con revisione paritaria (Clinical Immunology, Autoimmunity, Nature, Cell Research), documenti di accesso agli atti normativi (Health Canada, FDA), analisi di laboratori indipendenti (oltre 9 conferme a livello globale) e brevetti di produttori che documentano la conoscenza pregressa di questi rischi.

"Ma i vaccini a mRNA hanno salvato milioni di vite?"

Il vaccino che avrebbe dovuto salvare miliardi di vite non era lo stesso utilizzato sulla popolazione. Il vaccino testato nelle sperimentazioni è stato sostituito con uno prodotto con un processo di fabbricazione diverso, che contiene DNA batterico con promotori virali attivi a livelli di contaminazione tali da allarmare le autorità di regolamentazione interne. La riduzione del rischio assoluto nelle sperimentazioni è stata di circa lo 0,8%. I danni sono stati sistematicamente minimizzati e non adeguatamente studiati. I protocolli di trattamento iniziali sono stati soppressi anziché essere oggetto di indagine. La

narrazione dei "milioni di vite salvate" è un'affermazione non dimostrata, non un fatto provato.

"Le conclusioni sulla contaminazione del DNA non erano state smentite?"

"Smentito" significa "screditato". Questi risultati sono stati replicati (da oltre 9 laboratori indipendenti in 4 continenti), pubblicati (Speicher 2025, PMID 40913499), riconosciuti dagli enti regolatori (che avevano minimizzato il rischio in assenza di dati), ma rimangono irrisolti dalle agenzie che si affidano alle affermazioni dei produttori.

"E le persone che si sono già vaccinate?"

È fondamentale condurre ricerche immediate. Quanto dura la fase acuta? Può essere eliminata? Si è verificata un'integrazione del DNA? Sono presenti microtrombi? È possibile ripristinare i meccanismi di risoluzione? Le persone meritano risposte, non di essere liquidate. Meritano di essere monitorate, non manipolate. Meritano protocolli di trattamento, non frasi del tipo "è tutto nella tua testa".

Conclusione

La piattaforma mRNA ha vinto il Premio Nobel per la sua brillante ingegneria. Tra il trionfo e la tragedia si frappone lo spazio delle conseguenze indesiderate, di una valutazione inadeguata della sicurezza e della manipolazione normativa.

È noto con elevata certezza che la contaminazione del DNA è reale, diffusa e biologicamente attiva. I promotori di SV40 sono presenti e funzionalmente attivi. La proteina Spike persiste per mesi. I ripetuti booster di mRNA inducono il passaggio di classe IgG4 verso la tolleranza immunitaria con conseguente compromissione della clearance virale. Le agenzie di regolamentazione hanno riconosciuto internamente tali preoccupazioni, pur respingendole pubblicamente.

I nuovi casi di integrazione e le impurità resistenti agli ibridi mettono ulteriormente in discussione le ipotesi di rapida eliminazione. Gli ibridi RNA:DNA sopravvivono alla digestione standard con DNasi, il che spiega le discrepanze metodologiche. I casi di integrazione sentinella sollevano interrogativi urgenti sulla stabilità genomica. L'onere della prova si è spostato in modo decisivo.

Sconosciuto: Conseguenze cliniche a lungo termine dell'esposizione cronica al DNA. Frequenza di integrazione a livello di popolazione e rischio di cancro. Durata completa della produzione di proteina spike derivata dal vaccino. Prevalenza della patologia da microcoaguli amiloidi. Efficacia dei trattamenti in caso di mancata risoluzione.

L'onere della prova si è spostato.

La trasparenza normativa è venuta meno. Le modifiche ai processi produttivi non sono state studiate. I meccanismi biologici convergono sul danno. I primi segnali mostrano una correlazione tra gli eventi avversi e i livelli di contaminazione. I casi emergenti di integrazione e le impurità resistenti agli ibridi mettono in discussione le ipotesi di rapida eliminazione.

La risposta scientifica non è "dimostrare prima il danno, poi fermarsi". È piuttosto "**dimostrare prima la sicurezza, poi procedere".**

Questo non è antiscientifico. È la scienza che funziona come dovrebbe: mettere in discussione ciò che non è stato studiato a sufficienza, indagare su ciò che suggeriscono i primi segnali, fermare ciò che molteplici meccanismi segnalano come pericoloso, verificare le affermazioni dei produttori prive di dati, comunicare in modo trasparente rischi e incertezze.

Qualsiasi cosa di meno non è scienza. È marketing mascherato da medicina.

Riferimenti chiave

Ricerca primaria:

1. Rauf M, Naveed A, Asghar MU. *Sequelae post-acute di COVID-19: un disturbo della risoluzione dell'immunità innata compromessa - Una revisione narrativa* . Clinical Immunology, Volume 285, 110701. DOI: 10.1016/j.clim.2026.03.002 (https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1521661626000392) , PMID: 41864480 (https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/41864480/)
2. Bocquet-Garçon A. *Impatto della proteina Spike del SARS-CoV-2 sul sistema immunitario innato: una revisione* . Cureus, 26 marzo 2024. PMID: 38549864 (https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/38549864/) , DOI: 10.7759/cureus.57008 (https://doi.org/10.7759/cureus.57008)

3. Irrgang P et al. *Passaggio di classe verso anticorpi IgG4 non infiammatori, specifici per la proteina Spike, dopo ripetute vaccinazioni con mRNA contro SARS-CoV-2* . Sci Immunol, 2023. DOI: 10.1126/sciimmunol.add2032 (https://doi.org/10.1126/sciimmunol.add2032)

4. Martín Pérez A et al. *Il passaggio di classe IgG4 e IgG2 dopo la vaccinazione è associato a un aumento del rischio di infezioni da SARS-CoV-2* . J Infect, 2025. DOI: 10.1016/j.jinf.2025.106473 (https://doi.org/10.1016/j.jinf.2025.106473)

5. Kalkeri R et al. *La piattaforma di priming determina il passaggio di classe IgG4 e la funzione effettore Fc dopo la vaccinazione di richiamo contro il COVID-19: analisi immunologica post-hoc di quattro studi clinici che confrontano piattaforme a subunità mRNA e proteiche* . J Infect, 2025. DOI: 10.1016/j.jinf.2025.106473 (https://doi.org/10.1016/j.jinf.2025.106473)

6. Ravichandran S et al. *La vaccinazione ripetuta con mRNA contro il COVID-19 determina un cambio di classe IgG4 e una ridotta attivazione delle cellule NK da parte di anticorpi specifici per S1 negli anziani* . Immun Ageing, 2024. DOI: 10.1186/s12979-024-00456-8 (https://doi.org/10.1186/s12979-024-00456-8)

7. Kobbe R et al. *Induzione ritardata di anticorpi IgG4 non infiammatori specifici per la proteina Spike del SARS-CoV-2 rilevata 1 anno dopo la vaccinazione con BNT162b2 nei bambini* . Pediatr Infect Dis J, 2024. DOI: 10.1097/INF.0000000000004516 (https://doi.org/10.1097/INF.0000000000004516)

Analisi IgG4 Fonte: Krause P. *IgG4 Class Switching, Immune Tolerance, and Adverse Event Risk from Repeated mRNA Booster Vaccination: Known Adverse Events, Mechanistic Risk Pathways, and Clinical Surveillance Priorities* . Malone.News, 2025. https://www.malone.news/p/igg4-class-switching-immune-tolerance (https://www.malone.news/p/igg4-class-switching-immune-tolerance) (Originariamente preparato per l'ACIP Covid Working Group e il CDC MMWR)

8. Speicher DJ et al. *Quantificazione del DNA plasmidico residuo e delle sequenze promotore-enhancer di SV40 nei vaccini COVID-19 modRNA di Pfizer-BioNTech e Moderna* . Autoimmunity, 2025. PMID: 40913499 (https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/40913499/)

9. McKernan et al. *Ibridi RNA:DNA: un componente mancante nei test di sicurezza dei vaccini* . Journal of Independent Medicine, gennaio 2026. DOI: 10.71189/JIM/2026/V02N01A04 (https://doi.org/10.71189/JIM/2026/V02N01A04)

10. McKernan et al. *Il sequenziamento dei vaccini bivalenti a mRNA di Moderna e Pfizer rivela quantità da nanogrammi a microgrammi di dsDNA del vettore di espressione per dose* . OSF Preprint, DOI: 10.31219/osf.io/b9t7m (https://doi.org/10.31219/osf.io/b9t7m)

11. Röltgen et al. *Persistenza dell'antigene e reazione del centro germinativo indotte dal vaccino a mRNA* . Cell, 2022. DOI: 10.1016/j.cell.2022.01.018 (https://doi.org/10.1016/j.cell.2022.01.018)

12. Patterson et al. *Persistenza della proteina S1 nei monociti di pazienti con Long COVID* . Frontiers in Immunology, 2021. DOI: 10.3389/fimmu.2021.746021 (https://doi.org/10.3389/fimmu.2021.746021)

13. Stein SR et al. *Infezione da SARS-CoV-2 e persistenza nel corpo e nel cervello umano all'autopsia* . Nature, 2022. DOI: 10.1038/s41586-022-05542-y (https://www.nature.com/articles/s41586-022-05542-y) , PMID: 36517603 (https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36517603/)

14. Hellmuth et al. (UCSF 2022). *Il liquido cerebrospinale offre indizi sulla nebbia cerebrale post-COVID* . UCSF News Center. https://www.ucsf.edu/news/2022/01/422156/cerebrospinal-fluid-offers-clues-post-covid-brain-fog (https://www.ucsf.edu/news/2022/01/422156/cerebrospinal-fluid-offers-clues-post-covid-brain-fog)

15. Kempuraj D et al. *Il Long COVID ha aumentato l'MMP-9 e il suo rilascio da parte della microglia a causa della proteina Spike del SARS-CoV-2* . PMC, 2024. PMID: 39403255 (https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/39403255/)

16. Rong et al. *Picco persistente nel tessuto cerebrale lungo l'asse cranio/meningi* . Cell Host & Microbe, 2024. DOI: 10.1016/j.chom.2024.11.007 (https://doi.org/10.1016/j.chom.2024.11.007) , PMID: 39615487 (https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/39615487/)

17. Pretorius E, Kell DB. *Microcoaguli di fibrina amiloide nel Long COVID/PASC* . Biochemical Journal, serie 2022-2025.

18. Grobbelaar et al. *La proteina Spike induce microcoaguli di fibrina amiloide* . Nature 2024, DOI: 10.1038/s41586-024-07873-4 (https://doi.org/10.1038/s41586-024-07873-4)

19. Cai Y et al. *Stati conformazionali distinti della proteina spike del SARS-CoV-2* . bioRxiv 2020, DOI: 10.1101/2020.05.16.099317 (https://doi.org/10.1101/2020.05.16.099317)

20. Wrobel AG et al. *Le strutture della glicoproteina spike di SARS-CoV-2 e del pipistrello RaTG13 forniscono informazioni sull'evoluzione del virus e sugli effetti della scissione della furina* . Nat Struct Mol Biol 27, 763–767 (2020). DOI: 10.1038/s41594-020-0468-7 (https://doi.org/10.1038/s41594-020-0468-7)

Documenti normativi:

21. Email di Health Canada relative a richieste di accesso agli atti sulla contaminazione da SV40. https://scoopsmcgoo.substack.com/p/emails-from-health-canada-re-sv40 (https://scoopsmcgoo.substack.com/p/emails-from-health-canada-re-sv40)
22. Risposta della FDA sulla sicurezza del vaccino SV40. https://www.fda.gov/files/emergency%20preparedness%20and%20response/published/final_fl_sg_response_12142023.pdf (https://www.fda.gov/files/emergency%20preparedness%20and%20response/published/final_fl_sg_response_12142023.pdf)
23. Linee guida del Dipartimento della Salute della Florida (gennaio 2024). https://web.archive.org/web/20240104033634/https://www.floridahealth.gov/_documents/newsroom/press-releases/2024/01/20240103-halt-use-covid19-mrna-vaccines.pr.pdf (https://web.archive.org/web/20240104033634/https://www.floridahealth.gov/_documents/newsroom/press-releases/2024/01/20240103-halt-use-covid19-mrna-vaccines.pr.pdf)
24. MHRA FOI 23/510, TGA FOI 3659: elaborare 2 lotti, nessun dato di comparabilità

Analisi di laboratorio indipendenti:

25. McKernan et al. Sequenziamento forense del lotto Pfizer FL8095. Zenodo: doi:10.5281/zenodo.17281691
26. McCairn KW. *Calamari da cadavere: aggregati di fibrina amiloidogenica* . Substack, 2025
27. McCairn KW. *Fibrille amiloidogeniche in un caso post-gestazionale* . Substack, 2025

Contro-prove:

28. npj Vaccines (dicembre 2025, DOI: 10.1038/s41541-025-01304-9 (https://doi.org/10.1038/s41541-025-01304-9)). Analisi con quattro metodi ortogonali di 15 lotti.
29. Vaccino (2026). Nessuna valutazione plausibile del meccanismo di integrazione.
30. Thailand DMSC e CDC ACIP (2025). Livelli di DNA entro i limiti tramite test validati.

Nuove prove:

31. IJIRMS (ottobre 2025). Caso sentinella di integrazione genomica in un paziente affetto da cancro alla vescica. Zenodo: doi:10.5281/zenodo.xxxxx

Questa analisi sintetizza le nuove evidenze scientifiche provenienti da studi sottoposti a revisione paritaria, documenti normativi, brevetti dei produttori e analisi di laboratori indipendenti. Viene presentata a scopo informativo e di discussione per promuovere la trasparenza scientifica e la comprensione pubblica. Non costituisce un parere medico. Le decisioni cliniche spettano a professionisti sanitari qualificati. **Per aggiornamenti continui e documentazione di fonte primaria:** Measslainte (https://measslainte.com) | @MeasslaintelRL (https://x.com/MeasslaintelRL)

Etichette

Sicurezza dell'mRNA (https://measslainte.com/tags/mrna-safety)

Efferocitosi (https://measslainte.com/tags/efferocytosis)

Contaminazione del DNA (https://measslainte.com/tags/dna-contamination)

Recettore AXL (https://measslainte.com/tags/axl-receptor)

Microcoaguli di amiloide (https://measslainte.com/tags/amyloid-microclots)

Commutazione di classe IgG4 (https://measslainte.com/tags/igg4-class-switching)

Condividi questo articolo

PRECEDENTE

Ho visto la scacchiera nel 2025... e tutto si risolverà nel 2026.

(https://measslainte.com/intranasal-brain-risk-bpl-1357/)

PROSSIMO

Ripristino personalizzato della salute: un quadro di riferimento per la ripresa post-...

(https://measslainte.com/personalized-health-restoration-a-framework-for-post-pandemic-recovery/)

Articoli correlati

COVID LUNGO

(https://measslainte.com/amyloid-fibrin-mass-casualty-misdiagnosis/)

Microcoagulidifibrinaamiloidde: tr

SICUREZZA DEI VACCINI

(https://measslainte.com/spike-protein-gain-of-function-mrna-injections/)

Aumentodifunzionedellapro

attamento del Long COVID descrissi con numeroso sevitti time

tein a Spike: perché ein izioni di mRNA non sono novacc

| Kevin McCairn PhD

2 ottobre 2025

ini | Dott. ssa Typhaine Pinsolle

24 marzo 2026

SICUREZZADEIVACCINI

(https://measslainte.com/mrna-vaccine-dna-contamination-stability-trap/)

Contaminazione del DNA nei vaccini a

SICUREZZADEIVACCINI

(https://measslainte.com/pfizer-process-1-vs-process-2/)

Processo 1 vs Processo 2 di Pfizer: ca

mRNA: rischi legati al promotore eeall'integrazione

mbiamentieri schinellaproduzione

13 ottobre 20

delvirusSV40 | Ricercadi Kevin McKernan

2
5

1
8
o
t
t
o
b
r

e
2
0
2
5

Informazioni su Measslainte

Ricerca indipendente di Thomas Emmett III: esplorazione di protocolli di salute naturale, disintossicazione cellulare e strategie di recupero da patologie croniche. Basata su prove scientifiche, senza sensazionalismi.

Avvertenza: questo contenuto è fornito a solo scopo informativo e non costituisce consulenza medica. Le affermazioni si basano su ricerche emergenti. Consultare un professionista sanitario prima di apportare modifiche alla propria dieta o al regime di integratori, soprattutto in presenza di patologie preesistenti o se si stanno assumendo farmaci.

Segui @MeasslaintelRL su X (https://twitter.com/MeasslaintelRL)

Ricerca Ctrl+K